



PCT

特許協力条約に基づいて公開された国際出願

(51) 国際特許分類6 C12N 15/12, 15/63, 1/21, 21/02, C12Q 1/02, C07K 16/18		A1	(11) 国際公開番号 WO99/07846
			(43) 国際公開日 1999年2月18日(18.02.99)
(21) 国際出願番号 PCT/JP98/03603 (22) 国際出願日 1998年8月12日(12.08.98) (30) 優先権データ 特願平9/230356 1997年8月12日(12.08.97) JP 特願平10/189944 1998年6月19日(19.06.98) JP (71) 出願人（米国を除くすべての指定国について） 株式会社 中外分子医学研究所(CHUGAI RESEARCH INSTITUTE FOR MOLECULAR MEDICINE, INC.)[JP/JP] 〒300-4101 茨城県新治郡新治村永井153番地2 Ibaraki, (JP) (72) 発明者；および (75) 発明者／出願人（米国についてのみ） 舟橋真一(FUNAHASHI, Shin-ichi)[JP/JP] 宮田昌二(MIYATA, Shoji)[JP/JP] 〒300-4101 茨城県新治郡新治村永井153番地2 株式会社 中外分子医学研究所内 Ibaraki, (JP)		(74) 代理人 弁理士 清水初志、外(SHIMIZU, Hatsuhi et al.) 〒300-0847 茨城県土浦市御町1-1-1 関鉄つくばビル6階 Ibaraki, (JP) (81) 指定国 AL, AM, AT, AU, AZ, BA, BB, BG, BR, BY, CA, CH, CN, CU, CZ, DE, DK, EE, ES, FI, GB, GE, GH, GM, HR, HU, ID, IL, IS, JP, KE, KG, KR, KZ, LC, LK, LR, LS, LT, LU, LV, MD, MG, MK, MN, MW, MX, NO, NZ, PL, PT, RO, RU, SD, SE, SG, SI, SK, SL, TJ, TM, TR, TT, UA, UG, US, UZ, VN, YU, ZW, ARIPO特許 (GH, GM, KE, LS, MW, SD, SZ, UG, ZW), ヨーラシア特許 (AM, AZ, BY, KG, KZ, MD, RU, TJ, TM), 歐州特許 (AT, BE, CH, CY, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT, LU, MC, NL, PT, SE), OAPI特許 (BF, BJ, CF, CG, CI, CM, GA, GN, GW, ML, MR, NE, SN, TD, TG). 添付公開書類 國際調査報告書	
(54) Title: PROTEIN HAVING PDZ DOMAIN SEQUENCE (54) 発明の名称 PDZ ドメイン配列を有するタンパク質 (57) Abstract In the process of analyzing changes in gene expression by TNF α in human umbilical vascular endothelial cells, a gene showing enhanced expression due to the stimulation with TNF α was isolated. As the result of screening with the use of this gene as a probe, a gene encoding a novel protein was isolated. By analyzing the protein encoded by the thus isolated gene, it has been found out that this protein is a novel one which has never been reported hitherto and has a PDZ domain in its molecule playing an important role in protein/protein interactions.			

(57)要約

ヒト臍帯血管内皮細胞のTNF α による遺伝子発現の変化を解析していく過程において、TNFアルファの刺激により発現が上昇した遺伝子を単離し、該遺伝子をプローブとしてスクリーニングを行ったところ、新規なタンパク質をコードする遺伝子を単離するに至った。単離した遺伝子がコードするタンパク質につき解析を行ったところ、該タンパク質はこれまで報告のない新規なタンパク質であり、その分子内にタンパク質-タンパク質相互作用に重要な役割を果たしているPDZドメインを有していることを見出した。

PCTに基づいて公開される国際出願のパンフレット第一頁に掲載されたPCT加盟国を同定するために使用されるコード(参考情報)

AL アルバニア	FI フィンランド	LK スリ・ランカ	SI スロヴェニア
AM アルメニア	FR フランス	LR リベリア	SK スロヴァキア
AT オーストリア	GA ガボン	LS レソト	SL シエラ・レオネ
AU オーストラリア	GB 英国	LT リトアニア	SN セネガル
AZ アゼルバイジャン	GD グレナダ	LU ルクセンブルグ	SZ スウェーデン
BA ボスニア・ヘルツェゴビナ	GE グルジア	LV ラトヴィア	TD チャード
BB バルバドス	GH ガーナ	MC モナコ	TG トーゴー
BE ベルギー	GM ガンビア	MD モルドヴァ	TJ タ吉キスタン
BF ブルキナ・ファソ	GN ギニア	MG マダガスカル	TM トルクメニスタン
BG ブルガリア	GW ギニア・ビサオ	MK マケドニア旧ユーゴスラヴィア	TR トルコ
BJ ベナン	GR ギリシャ	共和国	TT トリニダッド・トバゴ
BR ブラジル	HR クロアチア	ML マリ	UA ウクライナ
BY ベラルーシ	HU ハンガリー	MN モンゴル	UG ウガンダ
CA カナダ	ID インドネシア	MR モーリタニア	US 米国
CF 中央アフリカ	IE アイルランド	MW マラウイ	UZ ウズベキスタン
CG コンゴー	IL イスラエル	MX メキシコ	VN ヴィエトナム
CH スイス	IN インド	NE ニジェール	YU ヨーロッパラビア
CI コートジボアール	IS アイスランド	NL オランダ	ZW ジンバブエ
CM カメルーン	IT イタリア	NO ノールウェー	
CN 中国	JP 日本	NZ ニュー・ジーランド	
CU キューバ	KE ケニア	PL ポーランド	
CY キプロス	KG キルギスタン	PT ポルトガル	
CZ チェコ	KP 北朝鮮	RO ルーマニア	
DE ドイツ	KR 韓国	RU ロシア	
DK デンマーク	KZ カザフスタン	SD スーダン	
EE エストニア	LC セントルシア	SE スウェーデン	
ES スペイン	LI リヒテンシュタイン	SG シンガポール	

明細書

PDZドメイン配列を有するタンパク質

技術分野

本発明は、PDZドメイン配列を有する新規なタンパク質およびその遺伝子に関する。

背景技術

PDZドメインを有するタンパク質としては、これまでPSD-95、hDlg、Z0-1、p55、Dsh、LIN-7、InaD、PTPL1/FAP1などが知られており、これらはPDZファミリーなどと呼ばれている。最初、95kDa後シナプス膜タンパク質(post-synaptic density protein) PSD-95において、保存された「Gly-Leu-Gly-Phe(GLGF)」の4アミノ酸のモチーフを含む約80乃至90アミノ酸からなる3回の繰り返し構造が存在することが同定された(Neuron 9, 929-942 (1992))。その後、このドメイン構造がショウジョウバエの致死(1)ディスクス ラージ-1 癌抑制タンパク質DlgA(Drosophila lethal(1) discs large-1 tumor suppressor protein DlgA) (Cell 66, 451-464 (1991))、密着結合タンパク質Z0-1(tight junction protein ZO-1) (J. Cell Biol. 121, 491-502 (1993))のタンパク質にも見い出され、この繰り返し配列は、PSD95、DlgA、Z0-1の頭文字をとって「PDZドメイン」と名付けられた(GLGFリピートやDHR(DlgA homology region)ドメインとも呼ばれる)。PDZドメインを有するタンパク質は、このPDZドメインの配列を介して他のタンパク質と結合することが知られており、例えば、PSD-95タンパク質はNMDA受容体2B(Kornau, H.-C., et al. (1995) Science 269, 1737-1740)、シェーカー型カリウムイオンチャネル(Shaker-type K⁺channel) (Kim, E. et al. (1995) Nature 378, 85-88)と結合することが知られている。hDlgタンパク質は家族性大腸腺腫症遺伝

子/APC (adenomatous polyposis coli tumor suppressor gene/APC) のコードするタンパク質と(Matsumine et al. (1996) *Science* 272, 1020-1023)、Dsh タンパク質はNotchタンパク質と(Axelrod, J.D., et al. (1996) *Science* 271, 1826-1832)、直接結合することが報告されている。また、InaDタンパク質はショウジョウバエの視覚シグナル伝達カスケード (*Drosophila visual signal transduction cascade*) で機能しているCa²⁺チャネルタンパク質であるTRPと結合することが報告されている(Shieh, B-H. and Zhu, M. Y. (1996) *Neuron* 16, 991-998)。PDZ ドメインを有するタンパク質の構造としては、このドメインを1つ 有するタンパク質(p55、Dsh)、2つ有するもの(SIP-1: J. Yanagisawa et al. *J.Biol. Chem.* 272, 7167-7172 (1997))、3つ有するもの(PSD-95、hDlg)、5つ有するもの(InaD、PTPL1/FAP1)、7つ有するもの(GRIP: H. Dong et al. (1997) *Nature* 386, 279-284)、13有するもの (Christoph Ullmer et al. (1998) *FEBS Letters* 424, 63-68) などがあり、多様である。また、最近マウスにおいてタンパク質中のN末端側のペプチドをコードする領域が欠落した遺伝子で、この不完全な遺伝子領域において4つPDZ ドメインを有するペプチドをコードする遺伝子が報告された (GeneBank 1997年5月18日登録, Accession number AF000168)。PDZ ドメインを有するタンパク質群は、いくつかの例外はあるが、共通して、C末に存在する「Thr/Ser-Xaa-Val」(Xaaは任意のアミノ酸残基) に代表される3アミノ酸からなる疎水性アミノ酸の領域を持った他のタンパク質と結合していることが知られている。それらのタンパク質の多くは膜貫通型のタンパク質であり、細胞内でのシグナル伝達の機能を果たしていることが予想される(TIBS 21, 455-458 (1996)、J. Yanagisawa et al. (1997) *J.Biol. Chem.* 272, 7167-7172)。

このようにPDZ ドメインを有するタンパク質やこれと相互作用するタンパク質は、神経伝達系、アポトーシス、癌化などに関与しているため、医薬品開発の標的として近年注目を集めている。

発明の開示

本発明は、PDZドメイン配列を有する新規なタンパク質、および該タンパク質をコードするDNAを提供することを課題する。また、本発明は、該DNAを含むベクター、該DNAを発現可能に保持する形質転換体、および該形質転換体を利用した組み換えタンパク質の製造方法を提供することを課題とする。さらに、本発明は、該DNAに対するアンチセンスDNA、該タンパク質に結合する抗体を提供することを課題とする。さらに、本発明は、該タンパク質に結合するタンパク質のスクリーニング方法を提供することを課題とする。

本発明者らは、ヒト臍帯血管内皮細胞のTNF α による遺伝子発現の変化を解析していく過程において、TNF α の刺激により発現が上昇した遺伝子を単離し、該遺伝子をプローブとしてスクリーニングを行ったところ、新規なタンパク質をコードする遺伝子を単離するに至った。本発明者等は単離した遺伝子がコードするタンパク質の構造につき解析を行ったところ、該タンパク質が、神経伝達系、アポトーシス、癌化などに関与している他のタンパク質との相互作用に重要な役割を果たしているPDZドメイン配列をその分子内に有していることを見出した。また、転写開始部位およびスプライシングの相違により一つの遺伝子から異なる少なくとも5つの転写産物が生じることを見出した。

また、本発明者らは、単離した遺伝子を発現ベクターに組み込み、これを大腸菌に導入して培養することにより、該遺伝子がコードするタンパク質を組み換えタンパク質として調製することに成功した。さらに、調製したタンパク質をウサギに免疫することにより該タンパク質に結合する抗体を調製することに成功した。

本発明は、分子内にPDZドメイン配列を有する新規なタンパク質群およびそれらの遺伝子に関し、より具体的には、

- (1) 配列番号：1、2、82、83または84に記載のアミノ酸配列からなるタンパク質、
- (2) 配列番号：1、2、82、83または84に記載のアミノ酸配列におい

て1もしくは複数のアミノ酸が置換、欠失、および／もしくは付加したアミノ酸配列からなり、PDZドメインに特徴的な他のタンパク質との親和性を有するタンパク質、

(3) (1) または (2) に記載のタンパク質と、少なくとも1つの抗体認識部位を含むタンパク質もしくはペプチド、からなる融合タンパク質、

(4) (1) から (3) のいずれかに記載のタンパク質をコードするDNA、

(5) 配列番号：2に記載の塩基配列からなるDNAもしくはその一部に対するアンチセンスDNA、

(6) (4) に記載のDNAを含むベクター、

(7) (4) に記載のDNAを発現可能に保持する形質転換体、

(8) (7) に記載の形質転換体を培養する工程を含む、(1) から (3) のいずれかに記載のタンパク質の生産方法、

(9) (1) から (3) のいずれかに記載のタンパク質に被検タンパク質を接触させ、これらタンパク質に結合するタンパク質を選択する工程を含む、(1) または (2) に記載のタンパク質に結合するタンパク質のスクリーニング方法、

(10) (1) または (2) に記載のタンパク質に被検遺伝子の遺伝子産物を接触させ、(1) または (2) に記載のタンパク質に結合する遺伝子産物に対応する遺伝子を選択する工程を含む、(1) または (2) に記載のタンパク質に結合するタンパク質をコードする遺伝子のスクリーニング方法、

(11) (1) または (2) に記載のタンパク質に結合するタンパク質、

(12) (9) に記載の方法により単離しうる、(11) に記載のタンパク質、

(13) (1) または (2) に記載のタンパク質に結合するタンパク質をコードする遺伝子、

(14) (10) に記載の方法により単離しうる、(13) に記載の遺伝子、

(15) (1) または (2) に記載のタンパク質に結合する抗体、に関する。

なお、本発明において「PDZドメイン配列」とは、「Gly-Leu-Gly-Phe」または

その類似アミノ酸からなる4アミノ酸のモチーフを含む約80乃至90アミノ酸からなる配列を指す (TIBS 20, p102-103(1995)参照)。

本発明は、PDZドメイン配列を有する新規なタンパク質に関する。PDZドメインを有するタンパク質群は、少数の例外はあるものの、共通して、タンパク質のC末端領域に存在する疎水性アミノ酸の領域を持った他のタンパク質と相互作用していることが知られている。それらのタンパク質の多くは膜貫通型のタンパク質であり、細胞内でのシグナル伝達の機能を果たしていることが予想されている(TIB S 21, 455-458 (1996)、 J. Yanagisawa et al. (1997) J.Biol. Chem. 272, 716 7-7172)。

本発明者らは、一つの遺伝子から転写開始部位およびスプライシングの相違により生じると考えられる、PDZドメインを有するタンパク質をコードする転写産物のうち、異なる5つの転写産物を見出した。これら転写産物によりコードされるタンパク質のアミノ酸配列を、それぞれ配列番号：1、2、82、83、84に示した。

本発明のタンパク質に含まれる配列番号：1に記載のアミノ酸配列からなるタンパク質は、アミノ酸配列中の、69～158位（配列番号：4）、371～461位（配列番号：5）、520～615位（配列番号：6）、649～734位（配列番号：7）、782～865位（配列番号：8）、928～1013位（配列番号：9）、1024～1108位（配列番号：10）、1161～1249位（配列番号：11）、1286～1373位（配列番号：12）に9つのPDZドメイン配列を有している（図8参照）。

また、同じく本発明のタンパク質に含まれる配列番号：2に記載のアミノ酸配列からなるタンパク質は、配列番号：1に記載のアミノ酸配列の第369から1373位に相当するタンパク質である。これらのタンパク質間の構造の相違は、mRNAの転写開始部位の相違に起因していると考えられる。

配列番号：2に記載のタンパク質は、アミノ酸配列中の、3～93位、152～247位、281～366位、414～497位、560～645位、656～740位、793～881位、918～1005位に

計8つのPDZドメイン配列を有している。しかしながら、配列番号：1に記載のタンパク質における最初のPDZドメインを有しない。この生物学的な意味合いは明確ではないが、配列番号：2に記載のタンパク質に対応するmRNAの肝臓での発現特異性（実施例5）、およびPDZドメインがタンパク質-タンパク質間の相互作用に重要なドメインであることを考慮すると、配列番号：2に記載のタンパク質は、このドメインが消失することにより肝臓細胞で他の組織とは異なるシグナルの制御に関連していると考えられる。

また、同じく本発明のタンパク質に含まれる配列番号：82に記載のアミノ酸配列からなるタンパク質（32-8-1aタンパク質）は、配列番号：1に記載のアミノ酸配列からなるタンパク質をコードするcDNAの5'上流域を含むヒト脳由来のcDNAの探索により見出されたcDNAおよび配列番号：1に記載のアミノ酸配列からなるタンパク質をコードするcDNA（配列番号：3）の配列の連結により想定された、2000アミノ酸からなるタンパク質である。32-8-1aタンパク質は、アミノ酸配列中の、133～222位、253～335位、373～461位、549～632位、696～784位、1004～1087位、1147～1240位、1276～1361位、1409～1492位、1555～1640位、1651～1735位、1788～1870位、1913～2000位に計13のPDZドメイン配列を有している（図25参照）。

また、同じく本発明のタンパク質に含まれる、32-8-1aタンパク質をコードする転写産物とのスプライシングの相違により生じることが想定される2つのスプライシングバリエントがコードするタンパク質のアミノ酸配列を配列番号：83（32-8-1bタンパク質）および配列番号：84（32-8-1cタンパク質）に示す。32-8-1bタンパク質は、32-8-1aタンパク質と同様に13のPDZドメインを保持している、2070アミノ酸からなるタンパク質である。32-8-1bタンパク質のPDZドメインは、アミノ酸配列中の、133～222位、253～335位、373～461位、549～632位、696～784位、1004～1087位、1147～1241位、1346～1431位、1479～1562位、1625～1710位、1721～1805位、1858～1946位、1983～2070位に存在する。

一方、32-8-1cタンパク質は、スプライシングの結果、終始コドンが生じるため、32-8-1aタンパク質や32-8-1bタンパク質よりも短鎖長となり、7のPDZドメインを保持する1239アミノ酸からなるタンパク質である。32-8-1cタンパク質のPDZドメインは、アミノ酸配列中の、133～222位、253～335位、373～461位、549～632位、696～784位、1004～1087位、1147～1239位に存在する。

これら本発明のタンパク質がいずれもヒト由来のタンパク質であることは、他の動物由来のタンパク質であることに比して、臨床上非常に重要な意義を有する。即ち、他の生物（例えば、マウスやラット）由来のタンパク質では、ヒトの治療などに応用する際に免疫原性の点で抗体が派生して治療効果が低減したり、無効になったり、血清病やアナフィラキシーショックを生じるなどの重大な副作用が生じるおそれがある。従って、ヒトの治療の材料としては、特に、ヒト由来のタンパク質であることが望ましい。

本発明のタンパク質は、天然のタンパク質の他、遺伝子組み換え技術を利用した組換えタンパク質として調製することが可能である。天然のタンパク質は、当業者に周知の方法、例えば、後述する本発明のタンパク質に対する抗体を適当な担体に結合させたアフィニティーカラムにより、ヒトのさい帯血内皮細胞（HUVEC）などから単離することが可能である。アフィニティーカラムの作製については、例えば、Wilchekらの方法（Wilchek et al. Methods Enzymol. 104, p. 3-55(1984)）に従って行うことが可能である。一方、組換えタンパク質であれば、後述の本発明のタンパク質をコードするDNAで形質転換した細胞を培養することにより調製することが可能である。

また、本発明のタンパク質には、配列番号：1、2、82、83または84に記載のアミノ酸配列からなるタンパク質の機能的誘導体も含まれる。「機能的誘導体」とは、アミノ酸の置換、欠失、付加などにより、アミノ酸配列において、配列番号：1、2、82、83または84に記載のアミノ酸配列と比較して1箇所以上のアミノ酸が異なるが、PDZドメインに特徴的な他のタンパク質との親和性を

保持しているタンパク質を指す。この親和性は、通常、他のタンパク質のC末端領域に存在する疎水性アミノ酸領域との親和性であり、該疎水性アミノ酸領域には、代表的には「Thr/Ser-Xaa-Val」(Xaaは任意のアミノ酸残基)からなる疎水性アミノ酸のモチーフが存在する (Science 269, 1737 (1995)、Nature 378, 85 (1995)、Science 277, 1511 (1997)、Neuron 20, 693 (1998)、Oncogene 16, 643 (1998)、Journal of Biological Chemistry 273, 1591 (1998)、Science 272, 1020 (1996)、Proc. Natl. Acad. Sci. USA 94, 6670 (1997)、Proc. Natl. Acad. Sci. USA 94, 11612 (1997)、J Neurosci 18, 128 (1998)、J Neurosci 16, 7407 (1996)、Nature Biotech 15, 336 (1997)、FEBS Letter 409, 53 (1997)、Nature 386, 284 (1997)、Nature 386, 279 (1997)、Nature Structure Biol 5, 19 (1998)、J. Neorosci 16, 24 (1996)、Journal of Biological Chemistry 272, 24191 (1997)、Science 271, 1826 (1996)、TIBS 21 455 (1996)、CELL 85, 195 (1996)、Neuron 18, 95 (1997)、Proc. Natl. Acad. Sci. USA 94, 12682 (1997)、Journal of Biological Chemistry 272, 8539 (1997)、Journal of Biological Chemistry 272, 24333 (1997)、Journal of Biological Chemistry 272, 7167 (1997)、Proc. Natl. Acad. Sci. USA 94, 13683 (1997)、Nature 392, 6676 (1998)、Journal of Biological Chemistry 272, 32019 (1997)、Mol Biol Cell 11 9, 671 (1998)参照)。

機能的誘導体は、人為的に製造することも可能であり、また自然界において生じることもあるが、本発明のタンパク質にはこれら双方が含まれる。当業者に公知のアミノ酸を改変する方法としては、例えば、Kunkelらの方法 (Methods Enzymol, 85, p2763-2766 (1988)) やPCR (polymerase chain reaction反応) を利用した方法などがある。Kunkel法では、鋳型となる1本鎖DNAを調製する際に、宿主としてdut⁻、ung⁻の大腸菌を利用することでウラシルを取り込ませる。このウラシルを含む鋳型に導入したい変異を含むプライマーをアニーリングさせ、通常のDNA合成をin vitroで行う。これにより調製したウラシルを含むDNA鎖との二本鎖DNAを、

通常の大腸菌に取り込ませると、ウラシルを含んだDNA鎖は壊され、変異の入ったDNA鎖が鋳型となってDNA合成が行われる。この結果、非常に効率的に変異の導入されたDNAを得ることができる。一方、PCRを利用した変異の導入は、例えば、適当な制限酵素の認識部位を中心に含む領域を標的にして変異を導入したい部分の配列を含むプライマーと制限酵素の認識部位またはその外側の配列を含むプライマーを2種類作製してPCRを行い、そのPCR産物を混合した後に2つの制限酵素の認識部位またはその外側の配列を含むプライマーでDNAを増幅し、その中に変異を導入した領域が含まれるように適當な制限酵素で消化し、もとのDNAの当該領域に入れ替えることで変異が導入できる (Saiki et al. 1988 Science 239, p487-491; Current Protocol in Molecular Biology, Greene Publishing Associates and Wiley -interscience出版, Unit 8.5.1-8.5.10(1997) 、実験医学別冊 新遺伝子工学ハンドブック, 羊土社, p251-261) 。なお、機能的誘導体において置換されるアミノ酸の数は、通常、10アミノ酸以内であり、好ましくは6アミノ酸以内であり、さらに好ましくは3アミノ酸以内である。

また、本発明は、上記本発明のタンパク質をコードするDNAに関する。本発明のタンパク質をコードするDNAは、cDNAでも、ゲノムDNAでもよく、また合成DNAであってもよい。本発明のDNAは、例えば、本発明のタンパク質を組換えタンパク質として生産するために利用しうる。即ち、本発明のタンパク質をコードするDNAを適當な発現ベクターに挿入し、該ベクターを適當な細胞に導入して得た形質転換体を培養し、発現させタンパク質を精製することにより本発明のタンパク質を組換えタンパク質として調製することが可能である。

組換えタンパク質の生産に用いる細胞としては、例えば、動物細胞としてはCH0細胞(Chinese hamster ovary cell)、COS細胞(サルCV-1纖維芽細胞を複製起点を欠いたSV40ウイルスでトランスフォームした細胞株)、マウスNIH3T3細胞、ヒトHeLa細胞、ヒトリンパ球系のナマルバ細胞などが挙げられるが、これらに限らない (Current Protocol in Molecular Biology, Greene Publishing Associates and

Wiley-Interscience, Unit16.12-16.14(1991))。ベクターとしては、pSV2neoやpCDNA1, pCD8, pRcRSV, pREP4, pCEP4 (インビトロジエン社)、pMAM, pMAMneo (クロンテック社)、pCI-neo mammalian expression vector, pSI-neo mammalian expression vector, pTARGETTM mammalian expression vector (プロメガ社)などが好適に用いられる。プラスミドベクターに限らず、組み換えウイルスを作製して組み換えタンパク質の生産に用いることもできる。pAdexベクターを用いた組み換えアデノウイルス (実験医学別冊 新遺伝子工学ハンドブック、羊土社、p238-244)、LNやLXSNベクターシリーズ、その改変型pBabeベクターシリーズ、MFGベクターなどを用いた組み換えレトロウイルス (実験医学別冊 新遺伝子工学ハンドブック、羊土社、p245-250、Current Protocol in Molecular Biology, Greene Publishing Associates and Wiley-interscience出版, Unit9.10.1-9.14.3(1992))、シンドビスウイルス、ワクシニアウイルス (Current Protocol in Molecular Biology, Greene Publishing Associates and Wiley-interscience出版, Unit16.15.1-16.19.9(1992))などによっても組み換えタンパク質の生産を行うことができる。バキュロウイルスを利用した組み換えタンパク質の生産も可能であり、カイコの幼虫、またSF21, SF9, High FiveTM細胞などの培養細胞株を宿主として利用することもできる (実験医学別冊 バイオマニュアルシリーズ7 分子生物学研究のためのタンパク実験法、羊土社, p167-171(1994)、O'Reilly, D.R. et al.: Baculovirus expression vectors, A laboratory Manual, Oxford University Press(1992))。バキュロウイルス発現ベクターとしてはpBacPAK8, 9, pBacPAK-His1/2/3やpAcUW31 (クロンテック社製)、pBlueBac (インビトロジエン社)、pBAC, pBACgus (Novagen社製)などが挙げられる。

タンパク質を効率よく発現させるために、動物細胞において用いられるプロモーターとしては、例えば、SV40初期プロモーター(Rigby In Williamson (ed,), Genetic Engineering, Vol.3. Academic Press, London, p.83-141(1982))、EF-1 α プロモーター(Kimら Gene 91, p.217-223 (1990))、CAGプロモーター(Niwa et

al. Gene 108, p.193-200 (1991))、RSV LTRプロモーター(Cullen Methods in Enzymology 152, p.684-704 (1987)、SR α プロモーター(Takebe et al. Mol. Cell. Biol. 8, p.466 (1988))、CMV初期プロモーター(Seed and Aruffo Proc. Natl. Acad. Sci. USA 84, p.3365-3369 (1987))、SV40後期プロモーター(Gheyse n and Fiers J. Mol. Appl. Genet. 1, p.385-394 (1982))、アデノウイルス後期プロモーター(Kaufman et al. Mol. Cell. Biol. 9, p. 946 (1989))、HSV TKプロモーターや誘導的発現プロモーターが挙げられる。誘導的発現プロモーターとしては、例えば、グルココルチコイドで誘導されるMMTVプロモーターやホルボールエステルや重金属で誘導されるMT（メタロチオネイン）IIプロモーター、テトラサイクリンでオン／オフが可能なTet-On/offシステム（クロントック社製）、エクジソンで誘導できる発現システム（Invitrogen社製）やIPTGで誘導発現を行うLacスイッチシステム（ストラタジーン社製）などが好適である。

また、酵母細胞でもタンパク質の生産が可能である。プロテアーゼ欠損株であるBJ2168, BJ926, CB023や分泌ベクター用の酵母株20B-12などが宿主として利用できる（実験医学別冊 バイオマニュアルシリーズ4 遺伝子導入と発現解析法, 羊土社, p166-176(1994)）。発現ベクターとしては、例えば、pYEura3（クロントック社製）、pYEXTM-BX, pYEXTM-S1が挙げられる。分裂酵母の発現ベクターpESP-1（ストラタジーン社製）を用いて分裂酵母SP-Q01株で発現することも可能である。酵母細胞においてタンパク質を効率的に発現させるためのプロモーターとしては、構成的に発現させるPGKプロモーター、ADH1プロモーター、銅イオンで誘導できるCUP1プロモーター、ガラクトースにより誘導されグルコースにより抑制されるGal1-Gal10プロモーター、リン酸濃度の低下により誘導され高リン酸濃度により抑制されるPH05プロモーターなどが好適に用いられる。分裂酵母ではnmt1プロモーターなどが好適に用いられる。

大腸菌による組み換えタンパク質の生産には、大きく4種類の発現プロモーターが使用できる。 λ PLプロモーターはclts857リプレッサーにより発現が調節され、

熱ショックにより発現が誘導される。宿主としてはN4830-1,M5219が挙げられ、pPL-lambda,pKC30,pRIT2Tなどのベクターにより発現できる。tacプロモーターはl^{acl}リプレッサーにより発現が調節され、イソプロピルβ-D-チオガラクトシド(IPTG)の添加により発現が誘導される。宿主としてはJM105,XL1-Blueが挙げられ、pDR540,pKK233-3,pGEX-3X,pMAL-c2などのベクターにより発現することができる。trpプロモーターはtrpリプレッサーにより発現が制御され、βインドールアクリル酸(IAA)の添加により発現が誘導される。宿主としてはHB101などを使用できる。pBTrp2などのベクターにより発現することができる。T7ファージプロモーターはT7RNAポリメラーゼによってのみ認識され発現できるため、例えば、入ファージDE3のint遺伝子内にlacI遺伝子、lacUV5プロモーターの支配下のT7RNAポリメラーゼ遺伝子を含むDNA断片が挿入されていて、これを大腸菌BL21株に溶原化させたBL21(DE3)株が宿主として使用でき、IPTGの添加によりT7RNAポリメラーゼが誘導されて、T7プロモーターからの誘導発現が可能になる。ベクターとしてはpET-3c, pET-8cなどが使用できる。基底レベルのT7RNAポリメラーゼを抑制するために、T7RNAポリメラーゼに結合して転写を阻害する天然の阻害剤であるT7リゾチームを供給するプラスミドを共存させたBL21(DE3)pLysSも宿主として使用できる。T7プロモーターの転写開始点の下流にlacオペレーター配列を挿入したT7lacプロモーターを持つpET-11c,pET-11dなども発現ベクターとして挙げられる(F.Studier et al.:J.Mol.Biol.189,p113-130(1996)、F.Studier et al.:Methods Enzymol.185,p60-8(1990))。

宿主細胞へのベクターの導入は、例えば、エレクトロポレーション法(Chu, G. et al. Nucl. Acid Res. 15, 1311-1326 (1987))、リン酸カルシウム法(Chen, C and Okayama, H. Mol. Cell. Biol. 7, 2745-2752 (1987))、DEAEデキストラン法(Lopata, M. A. et al. Nucl. Acids Res. 12, 5707-5717 (1984); Sussman, D. J. and Milman, G. Mol. Cell. Biol. 4, 1642-1643 (1985))、リボフェクチン法(Derijard, B. Cell 7, 1025-1037 (1994); Lamb, B. T. et al. Nature

Genetics 5, 22-30 (1993); Rabindran, S. K. et al. Science 259, 230-234 (1993))等の方法により行うことができるがいずれの方法によってもよい。

得られた形質転換体からの組換えタンパク質の精製は、ゲルfiltration法、イオン交換クロマトグラフィー、アフィニティクロマトグラフィー、逆相クロマトグラフィー、ハイドロキシアバタイト、水素結合クロマトグラフィー、キレートカラムにより精製することができる (Deutscher, M.P. ed.: Methods Enzymol. 182, Guide to Protein Purification, 1990、Principles and Methodsシリーズ: Gel Filtration, Ion Exchange Chromatography, Affinity Chromatography, ファルマシア社)。また、後述するように本発明のタンパク質に対する抗体を調製すれば、その抗体を用いたアフィニティクロマトグラフィーによりタンパク質を高い精製度で精製することが可能である。

また、当業者であれば、調製した本発明のタンパク質を用いてこれに結合する抗体を調製することも容易に行なう。本発明の抗体は、本発明の遺伝子を適当な大腸菌発現ベクターにて発現し、精製し、これをウサギやマウス、ラット、ヤギ、ニワトリなどに免疫することにより得ることができる。また、本発明の遺伝子がコードするタンパク質の適当な領域をペプチド合成し、これを上記の動物に免疫することによってもこの遺伝子産物に対する抗体を得ることができる。また、モノクローナル抗体の作成方法としては、マウスやラットのハイブリドーマを確立する方法が挙げられる (Kohler and Milstein, Nature 256, p495-497(1975))。具体的には、調製した本発明のタンパク質をマウス、ラット、アルメニアンハムスターに免疫した後、抗体産生細胞を脾臓またはリンパ節より取り出し、in vitroでミエローマ細胞と融合させて、抗原を用いたスクリーニングを行いクローンを選択する (Harlow, E, and Lane, D.: Antibodies: A laboratory manual. Cold Spring Harbor Laboratory, Cold Spring Harbor, New York(1988))。マウスミエローマ細胞としては、p3-x63-Ag8-U1(P3-U1), P3-NS1/1-Ag4-1(NS-1), SP2/0-Ag14(AP2/0)が、ラットミエローマ細胞としては、YB2/3HL.P2G11.16Ag20(YB2/0)が挙げら

れる。細胞の融合はポリエチレングリコールや電気パルスを用いて行うことが可能である。ハイブリドーマを培養した培養上清に含まれるモノクローナル抗体や得られたハイブリドーマを大量培養して免疫抑制剤で処理したマウスの腹腔に注射し、マウスの腹水中に含まれるモノクローナル抗体は、例えば、ProteinA-sepharose（ファルマシア社）により精製することができる。さらには、本発明のタンパク質を固定したアフィニティーカラムによっても精製することができる（Harlow,E. and Lane,D.:Antibodies:A laboratory manual.Cold Spring Harbor Laboratory,Cold Spring Harbor,New York(1988)）。

得られた抗体を人体に投与する場合には、免疫原性を低下させるために、ヒト抗体またはヒト型化抗体を用いると有効である。抗体をヒト型化する方法としては、モノクローナル抗体生産細胞から抗体遺伝子をクローニングし、その抗原決定部分を既存のヒト抗体に移植するCDRグラフト法（In immunology Methods Manual 1,p98-107,AcademicPress）が挙げられる。またヒト抗体は、免疫系をヒトのものと入れ換えたマウスに免疫して、通常のモノクローナル抗体と同様に作成することができる。ヒトB細胞ハイブリドーマ法（Kozbor et al. Immunology Today 4,p72(1983)）、エブシュタインバールウイルス（EBV）-ハイブリドーマ法（Collie et al.in Monoclonal Antibodies and Cancer Therapy,Ala R.Liss,Inc.p77-96(1985)）などによってもヒトモノクローナル抗体を作製できる。

これにより得られた抗体は、本発明のタンパク質の検出や抗体治療に用いることができるだけでなく、後述する本発明のタンパク質に相互作用するタンパク質のスクリーニングに用いることが可能である。

また、本発明は、本発明のタンパク質に結合するタンパク質のスクリーニング法に関する。本発明のタンパク質のようにPDZドメインを有するタンパク質群は、共通して、C末端に疎水性アミノ酸の領域を持った他のタンパク質と相互作用していることが知られている。本発明のスクリーニング法を利用することにより、このようなタンパク質を初めとする種々の結合タンパク質を単離することが可能で

ある。このスクリーニング方法においては、本発明のタンパク質に被検タンパク質を接触させ、本発明のタンパク質に結合するタンパク質を選択する工程を含む。被検タンパク質は、例えば、目的のタンパク質を含むことが予想される細胞や組織由来の溶解液として本発明のタンパク質に接触させる。

具体的な方法の一例として免疫沈降法が挙げられる。免疫沈降法は、タンパク質とタンパク質との結合を検出するために用いられる最も一般的な方法である。免疫沈降は、通常、本発明のタンパク質に細胞や組織由来の溶解液、例えば、ヒトさい帯内皮細胞などの細胞をTriton X-100やデオキシコール酸ナトリウムなどで溶解した細胞溶解液などの生物学的試料を接触させ、これにより形成される本発明のタンパク質とこれに結合するタンパク質からなる複合体に、抗体を作用させて免疫複合体を形成させ、これを沈降させるという手法による（実験医学別冊新遺伝子工学ハンドブック、羊土社、p304-308(1996)）。

免疫複合体の沈降は、例えば、抗体がマウス IgG 抗体であれば、プロテインAセファロースやプロテインGセファロースを用いて行うことができる。これらの一般的な方法については例えば、「Harlow, E. and Lane, D.: Antibodies, pp.511-52, Cold Spring Harbor Laboratory publications, New York (1988)」の方法に従えばよい。また、他の動物由来の抗体であっても一般的なこれらの方法に準じて行えばよい。

また、免疫沈降に用いる本発明のタンパク質は、例えば、特異性の明らかとなっているモノクローナル抗体の認識部位（エピトープ）がタンパク質のN末端またはC末端に導入されていてもよい。このようにエピトープとの融合タンパク質とすれば、該エピトープに対する抗体を反応させることにより、免疫複合体を形成させることができる。

用いるエピトープー抗体体系としては市販されているものが多くあるので、それらを利用することも可能である（実験医学 13, 85-90 (1995)）。例えば、マルチクローニングサイトを介して所望のタンパク質をコードするDNAを組み込むことに

より、 β -ガラクトシダーゼ、マルトース結合タンパク質、グルタチオンS-トランスフェラーゼ、緑色蛍光タンパク質(Green fluorescent protein)などとの比較的大きな融合タンパク質を発現できるベクターが市販されている。融合タンパク質にすることによりもたらされる目的のタンパク質の性質の変化を最小限にするために、数個から十数個のアミノ酸からなる小さなエピトープ部分だけを導入する方法も報告されている。その例としては、ポリヒスチジン(His-tag)、インフルエンザ凝集素HA、ヒトc-myc、FLAG、水疱性口内炎ウイルス糖タンパク質(SV-GP)、T7遺伝子10タンパク質(T7-tag)、ヒト単純ヘルペスウイルス糖タンパク質(HSV-tag)、E-tag(モノクローナルファージ上のエピトープ)などのエピトープとそれを認識するモノクローナル抗体が使用できる(実験医学13, 85-90(1995))。これら以外にも融合タンパク質を検出できるのであれば、どのようなエピトープ-抗体体系を用いてもよい。なお、融合タンパク質の場合には、抗体を用いなくとも、アフィニティークロマトグラフィーを用いて本発明のタンパク質に結合するタンパク質を単離しうる。例えば、GST融合タンパク質の場合には、グルタチオンーセファロース4Bカラムを用いればよい。

免疫沈降されたタンパク質の解析にはSDS-PAGEが一般的に用いられ、適当な濃度のゲルを用いることで、タンパク質の分子量により、結合したタンパク質を解析することができる。また、この際、一般的には結合していたタンパク質は、クマシーブリリアントブルー(CBB)染色や銀染色のようなタンパク質の通常の染色法で検出することは困難であるので、細胞培養時に³⁵S-メチオニンや³⁵S-システインを含んだ培養液で培養することでタンパク質をラベルすると検出感度をあげることができる。分子量が明らかとなれば、直接SDS-ポリアクリルアミドゲルから該当するタンパク質を精製し、その配列を決定することもできる。上記免疫沈降法以外の方法としては、本発明のタンパク質を固定したアフィニティーカラムに本発明のタンパク質と結合するタンパク質を発現していることが予想される細胞の培養上清もしくは細胞抽出物を通過させ、カラムに特異的に結合するタンパ

ク質を精製することにより調製することも可能である。

また、本発明のタンパク質を用いてこれに結合するタンパク質をコードする遺伝子を直接スクリーニングすることも可能である。このスクリーニング法は、本発明のタンパク質に被検遺伝子の遺伝子産物を接触させ、本発明のタンパク質に結合する遺伝子産物に対応する遺伝子を選択する工程を含む。被検遺伝子としては、特に制限はない。例えば、本発明のタンパク質に結合するタンパク質が発現していると考えられる所望の細胞から調製したcDNAライブラリーが好適に用いられる。具体的な方法の一例として、酵母の2ハイブリッド系を利用する方法が挙げられる(Fields, S. and Song, O. Nature 340, 245-247 (1989))。即ち、本発明のタンパク質をSRF結合領域、GAL4結合領域またはLexA結合領域に融合させて酵母細胞の中で発現させ、本発明のタンパク質と結合するタンパク質を発現していることが予想される細胞より、VP16、GAL4転写活性化領域、またはB42大腸菌 ペプチドと融合する形で発現するようなcDNAライブラリーを作製し、これを上記酵母細胞に導入し、検出された陽性クローニングからライブラリー由来cDNAを単離する（酵母細胞内で本発明のタンパク質と結合するタンパク質が発現すると、両者の結合によりレポーター遺伝子が活性化され、陽性のクローニングが確認できる）。

この系に用いられるベクターおよび発現ライブラリーは購入することができるので、これを利用してもよい(クロンテック社、MATCHMAKER Two-Hybrid System; ストラタジーン社、HybriZAP II Two-Hybrid System)。具体的な方法についてはこれらのマニュアルに従えばよい。この方法により本発明のタンパク質に結合するタンパク質をコードする遺伝子を直接得ることができる。実際にこの酵母の2ハイブリッド系を用いてAPCとhDLGの結合(A. Matsumine et al. Science 272, 1020-1023 (1996)); GRIPとAMPAレセプターの結合(H. Dong et al. Nature 386, 279-284 (1997)); Homerとグルタミン酸レセプターの結合(P. R. Brakeman et al. Nature 386, 284-288 (1997)); SRYとSIP-1の結合(F. Poulat et al. J. Biol. Chem. 272, 7167-7172 (1997))などが確認され、PDZドメインを有するタン

パク質の標的タンパク質が同定されている。

また、本発明のタンパク質と結合するタンパク質を発現していることが予想される細胞（例えば、ヒトさい帯内皮細胞など）よりファージベクター（ λ gt11、ZAPなど）を用いたcDNAライブラリーを作製し、これをLB-アガロース上で発現させ、フィルターに発現させたタンパク質を固定し、本発明のタンパク質をビオチンラベルするか、またはGSTタンパク質との融合タンパク質として精製し、これを上記フィルターと反応させ、結合するタンパク質を発現しているブラークを、ストレプトアビジン、あるいは抗GST抗体により検出する「ウエストウエスタンプロットティング法」（Skolnik EY, Margolis B, Mohammadi M, Lowenstein E, Fischer R, Drepps A, Ullrich A, and Schlessinger J (1991) Cloning of PI3 kinases-associated p85 utilizing a novel method for expression/cloning of target proteins for receptor tyrosine kinases. Cell 65, 83-90）を用いてスクリーニングすることも可能である。なお、これにより単離された遺伝子を大腸菌などに導入して発現させることにより、該遺伝子がコードするタンパク質を調製することも可能である。

このような本発明のタンパク質を用いてこれに結合するタンパク質またはその遺伝子を単離し、解析することにより、このタンパク質—タンパク質相互作用を介したシグナル伝達経路の解明が可能となると考えられる。さらに、このようなシグナル伝達と疾患との関連が明らかになれば、本発明のタンパク質やこれと相互作用するタンパク質を標的とした医薬品の開発が可能となる。

また、これらタンパク質をコードするDNAに対するアンチセンスDNAを用いた治療なども可能になると考えられる。本発明において「アンチセンスDNA」とは、標的遺伝子の転写産物に相補的なRNAをコードするDNAであって、標的遺伝子の発現を抑制する活性を有するDNAを指す。アンチセンスDNAは、遺伝子の発現を有效地に抑制しうる限り、標的遺伝子の転写産物に対して完全に相補的でなくともよい。好ましくは90%以上、より好ましくは95%以上の相補性を有する。アンチセンス

DNAの鎖長は、少なくとも15塩基以上、好ましくは100塩基以上、さらに好ましくは500塩基以上である。アンチセンスDNAとしては、種々の修飾アンチセンスオリゴヌクレオチドが利用されているが、例えば、ホスホロチオネート(S-オリゴ)は安定性、水溶性において好適である。アンチセンスDNAの導入法としては、直接投与法、リポフェクション、HVJ法、HVJ-リボソーム法などが挙げられる。また、ベクターを用いたアンチセンスRNAによる治療も可能であり、この場合には、前述の動物細胞での組み換えタンパク質の作製に用いたベクターに本発明のDNAを逆向きに導入し、直接投与法、リポフェクション、HVJ法、HVJ-リボソーム法などで導入し体内で発現させるなどして遺伝子治療を行うことが可能である。また、アデノ関連ウイルス、アデノウイルス、ヒト単純ヘルペスウイルス、ワクシニアウイルス、ファウルボックスウイルスなどのウイルスベクターを用いた遺伝子導入法によりアンチセンスRNAを体内で発現する方法も可能である。また、アンチセンスDNA以外に、リボザイムを利用した治療も考えられる。

図面の簡単な説明

図1 「32-8-1」（上の配列）と「AF00168」（下の配列）の配列の比較を示す図である。

図2 「32-8-1」（上の配列）と「AJ001319」（下の配列）の配列の比較を示す図である。

図3 「32-8-1」（上の配列）と「AJ001320」（下の配列）の配列の比較を示す図である。

図4 「32-8-1」（上の配列）と「AJ001320」（下の配列）の配列の比較を示す図3の続きの図である。

図5 「32-8-1遺伝子」のノーザンプロット解析の結果を示す電気泳動写真である。プローブとしてBamH I-Xba I断片を用いた。図中の「H」はHuman Multiple Tissue Northern (MTN) Blot (クロントック #7760-1) を用いて検出したも

ので、1.心臓、2.脳、3.胎盤、4.肺、5.肝臓、6.骨格筋、7.腎臓、8.すい臓を示す。「H4」はHuman Multiple Tissue Northern (MTN) Blot IV (クロンテック #7766-1)を用いて検出したもので、1.脾臓、2.胸腺、3.前立腺、4.精巣、5.子宮、6.小腸、7.大腸、8.末梢リンパ球を示す。「F2」はHuman Fetal Multiple Tissue Northern (MTN) Blot II (クロンテック #7756-1)を用いて検出したもので、1.胎児脳、2.胎児肺、3.胎児肝臓、4.胎児腎臓を示す。

図6 「32-8-1遺伝子」のノーザンプロット解析の結果を示す電気泳動写真である。NdeI 1.2Kb-#1プローブを用いた。図中の「H」はHuman Multiple Tissue Northern (MTN) Blot (クロンテック #7760-1)を用いて検出したもので、1.心臓、2.脳、3.胎盤、4.肺、5.肝臓、6.骨格筋、7.腎臓、8.すい臓を示す。「H4」はHuman Multiple Tissue Northern (MTN) Blot IV (クロンテック #7766-1)を用いて検出したもので、1.脾臓、2.胸腺、3.前立腺、4.精巣、5.子宮、6.小腸、7.大腸、8.末梢リンパ球を示す。「F2」はHuman Fetal Multiple Tissue Northern (MTN) Blot II (クロンテック #7756-1)を用いて検出したもので、1.胎児脳、2.胎児肺、3.胎児肝臓、4.胎児腎臓を示す。「Mu」はHuman Muscle Multiple Tissue Northern (MTN) Blot (クロンテック #7765-1)を用いて検出したもので、1.骨格筋、2.子宮、3.大腸、4.小腸、5.膀胱、6.心臓、7.胃、8.前立腺を示す。「C」はHuman Cancer Cell Line Multiple Tissue Northern (MTN) Blot (クロンテック #7757-1)を用いて検出したもので、1.急性白血病 HL-60細胞、2.Hela細胞S3、3.慢性骨髓性白血病 K-562細胞、4.リンパ芽球性白血病 MOLT-4細胞、5.バーキットリンフォーマ Raji細胞、6.大腸腺癌SW480細胞、7.肺癌A549細胞、8.黒色腫G361細胞をそれぞれ示す。

図7 本発明者らが単離した「32-8-1」cDNAクローン、心臓cDNA由来の「686-1-2」クローンおよび「686-1-4」クローン、並びに胎児肝臓cDNA由来の「FL#5」、「#12」、および「#6」クローンの間の位置関係を示す。32-8-1遺伝子がコードしているPDZドメインの位置は円形で示した。翻訳開始点は配列番号292、翻訳の停

止点の配列番号4410も図中に示した。プローブNdeI1.2Kb-#1, BamHI-XbaIの位置も合わせて示した。

図8 32-8-1遺伝子がコードするタンパク質（配列番号：1）のPDZドメインの配列を示す。32-8-1遺伝子のコードするタンパク質内に存在するPDZドメインの配列を並べて示した。

図9 GST-PDZ56を発現する大腸菌の形質転換体のコロニーを4つ拾い、IPTG（イソプロピルチオガラクトシド）の誘導の有無で発現を比較した。コントロールとしてpGST-2TKの形質転換体を用いた。偶数の番号のレーンは、IPTGによる誘導の前、奇数の番号はIPTGの誘導後3時間を経過した、それぞれのクローニングのサンプルを10%-20%SDS-ポリアクリルアミドゲルにより解析した。レーン2、3はpGST-2TKの形質転換体を、レーン5から11はGST-PDZ56を発現する大腸菌の形質転換体クローニー1から4を示す。それより1は分子量マーカーを示す。誘導発現されたGST-PDZ56のバンドを矢印にて示した。

図10 図6に示したものと同じサンプルをウエスタンプロットによって解析した。抗GST抗体により誘導発現された55Kdaのタンパク質のバンドが確認された（矢印）。IPTGの誘導後3時間のサンプルにおいて30Kda付近に見られるバンドはGST-PDZ56タンパク質が分解したものと考えられる。

図11 大腸菌形質転換体のIPTGの誘導後3時間でのGST-PDZ14の発現をクマシーブルー染色により解析した。レーン2、7はIPTGによる誘導前のサンプルで、レーン3から6は大腸菌HB101の形質転換体クローニー1、2、3、4を、レーン8から11は大腸菌JM109の形質転換体クローニー1、2、3、4をIPTGの誘導によってGST-PDZ14の発現させた結果を示す（矢印）。レーン1は分子量マーカーを示す。

図12 PDZ56の精製過程を示す。クマシーブルー染色をおこなった。レーン1は分子量マーカーを示す。レーン2は培養液、レーン3は超音波破碎後のサンプル、レーン4はグルタチオンセファロースカラムに結合しなかった画分、レーン5から7は洗浄液、レーン8、9はスロンビンで消化してグルタチオンセファロースカラム

から遊離してきたGSTタンパク質部分を含まないPDZ56タンパク質を示す。約30Kdaのバンドがはっきりと検出できる（矢印：PDZ56）。レーン10はスロンビンで消化後、グルタチオンセファロースカラムに結合しているGSTタンパク質部分を溶出したもの（矢印：GST）。レーン11、12はスロンビンで消化しないでグルタチオンを含む通常の溶出液により溶出されたGST-PDZ56融合タンパク質を示す（矢印：GST-PDZ56）。

図13 図9と同じサンプルをプロットティングしたフィルターを抗GST抗体にて検出したウエスタンプロットティングの結果を示す。レーン11、12に見られる約55KdaのGST-PDZ56融合タンパク質（矢印：GST-PDZ56）はスロンビンによる消化でGST部分を含まないPDZ56のみに切断されていることがレーン8、9とレーン10（矢印：GST）を比較することで明らかである。図12のレーン8、9のバンドはGSTを含まないので、図13のGST抗体では検出されない。

図14 図9と同様にPDZ14の精製過程を示す。レーン1は分子量マーカーを示す。レーン2は培養液、レーン3は超音波破碎後のサンプル、レーン4はグルタチオンセファロースカラムに結合しなかった画分、レーン5から8は洗浄液、レーン9、10、11はスロンビンで消化してグルタチオンセファロースカラムから遊離してきたGSTタンパク質部分を含まないPDZ14タンパク質を示す。約65Kdaのバンド（矢印：PDZ14）がはっきりと検出できる。しかしながら、28Kdaと37KdaのPDZ14タンパク質の分解産物（矢印：37kDa、28kDa）も検出された。

図15 クロンテック社のプロテインメドレイのうち、ヒト性巣（Testis: T）、骨格筋（Skeletal Muscle: Sk）、肝臓（Liver: Lv）、心臓（Heart: H）、脳（Brain: B）の各組織の細胞破碎液100ugをプロットしたフィルターをペプチド32-8-1-17、PDZ14、PDZ56を免疫したウサギの抗血清によりウエスタンプロットティングした。5000倍に希釈したウサギ抗血清、1000倍に希釈したビオチン標識の抗ウサギIg抗体、2500倍に希釈したHRP（ホースラディッシュペルオキシダーゼ）標識のストレプトアビジン-ビオチン複合体（アマシャム社）の順に反応させ、化学発光による

ウサギ抗血清と反応するタンパク質のバンドを検出した結果を示す。肝臓組織において130Kda付近（矢印）に32-8-1タンパク質由来と思われるバンドを検出した。

図16 RT-PCR反応により32-8-1遺伝子の発現の組織特異性を解析した結果である。使用した第一鎖cDNAは1.脳，2.心臓，3.腎臓，4.肝臓，5.肺，6.脾臓，7.胎盤，8.骨格筋，9.結腸，10.卵巢，11.末梢血白血球，12.前立腺，13.小腸，14.脾臓，15.精巣，16.胸腺，17.胎児脳，18.胎児心臓，19.胎児腎臓，20.胎児肝臓，21.胎児肺，22.胎児骨格筋，23.胎児脾臓，24.胎児胸腺の24種類である。Aでは650bpの単一のバンドを、Bでは750bp、850bp、950bpの3本のバンドを検出した。

図17 「FH750」、「FH850」、「FH950」の配列の比較を示す図である。

図18 図17の続きの「FH750」、「FH850」、「FH950」の配列の比較を示す図である。

図19 ウエスタンブロッティングによる32-8-1b蛋白質の検出結果を示す電気泳動写真である。レーン1および2は32-8-1-17ペプチドに対する抗血清で検出したものであり、レーン3および4はPDZ56に対する抗血清で検出したものである。神経芽腫細胞であるSH-SY5Y（レーン1と3）とNT-2をレチノイン酸にて刺激しニューロンに分化させたNT-N細胞（レーン2と4）の細胞破碎液をSDSポリアクリルアミドゲルにて分離した。250Kda以上の大きさのところに32-8-1bタンパク質と思われるバンドを検出した。

図20 「32-8-1b」（上の配列）と「AF00168」（下の配列）の配列の比較を示す図である。

図21 「32-8-1b」（上の配列）と「AJ001319」（下の配列）の配列の比較を示す図である。

図22 「32-8-1b」（上の配列）と「AJ001320」（下の配列）の配列の比較を示す図である。

図23 図22の続きの「32-8-1b」と「AJ001320」の配列の比較を示す図である。

図24 図23の続きの「32-8-1b」と「AJ001320」の配列の比較を示す図である。

図25 32-8-1b遺伝子がコードするタンパク質（配列番号：83）のPDZドメインの配列を示す。32-8-1b遺伝子のコードするタンパク質内に存在するPDZドメインの配列を並べて示した。

図26 本発明者らが単離した「32-8-1」cDNAクローン、心臓cDNA由来の「68-6-1-2」クローン、「686-1-4」クローン、「FH950」クローン、胎児肝臓cDNA由来の「FL#5」、「#12」、および「#6」クローン、脳由来の「1.2kb #33」クローンおよび「D-2」クローンの間の位置関係を示す。32-8-1b遺伝子がコードしているPDZドメインの位置は四角形で示した。

発明を実施するための最良の形態

以下、本発明を実施例により具体的に説明するが、本発明はこれら実施例に制限されるものではない。

[実施例1] 遺伝子のクローニング

(1) ディファレンシャル・ディスプレイ

HUVEC(ヒトさい帯血管内皮細胞)を森永生科学研究所より入手し、正常ヒト血管内皮細胞培養キット(Catalog #680051)を用いて培養し、サブコンフルエントの状態になったところで10ng/mlのTNFアルファ(Recombinant Human Tumor Necrosis Factor- α 、Catalog #300-01A、PEPROTECH Inc.)を添加し、24時間培養し、無添加の細胞と発現している遺伝子を比較した。トリプシン-EDTAで細胞を剥離し、1000rpm、5分の遠心操作により細胞を沈殿させ、一度PBSにて洗浄したのち、RNAeasy Total RNAキット(キアゲン社)により全RNAを回収した。回収した全RNAのうち0.2 μ gを用いて、H-T11GアンカープライマーによりcDNAを合成した。条件はRNAlimageキット(ジェンハンター社)に添付のマニュアルに従い、アービタリープライマー、H-AP1からH-AP8の8種類のプライマーについて94°C30秒、40°C2分、7

2°C30秒のサイクルを40回行うポリメラーゼ連鎖反応(PCR)により、TAKARA Taqポリメラーゼを用いてランダムに遺伝子を増幅した。反応液にはアルファ³²P dATPが含まれており、シーケンスグル泳動にて分離した。TNFアルファの刺激によりバンドが濃くなっているもの、つまり、mRNAの発現が無刺激に比べて上昇しているものを再度同じ条件にて増幅し、増幅された断片をQiaquickスピンPCR精製キットを使用して、反応液中に存在するプライマー-DNAを除去し、増幅に用いた同じプライマーを用いてダイターミネーターサイクルシーケンシングFSレディーリアクションキット(Dye Terminator Cycle Sequencing FS Ready Reaction kit/パーキンエルマー社、Catalog #402122)により解析することにより、配列番号：13に示す「DDEST32」の塩基配列の情報が得られた。

(2) cDNAライブラリーの構築

ZAP-cDNA合成キット(ストラタジーン社)を用いてcDNAライブラリーを構築した。5μlの10x第1鎖バッファー、3μlの第1鎖メチルヌクレオチドミックス、2μlのリンカーブライマー(1.4μg/μl)、1μlのRNaseブロックリボヌクレアーゼ阻害剤(40U/μl)、10μlのTNFアルファ刺激HUVECポリA⁺mRNA(0.5μg/μl)、24μlのDEPC(ジエチルピロカルボネート)処理済みの水を穏やかに混合し、室温で10分放置した。5μlのSuperScript II逆転写酵素(200U/μl)(GIBCO-BRL社)を混合し、37°Cにて40分間保温し、さらに45°Cにて70分保温した。反応液を氷上に置き、45μlの第1鎖反応液に20μlの10x第2鎖バッファー、6μlの第2鎖ヌクレオチド混合物、115.9μlの滅菌蒸留水、Rnase H(1.5U/μl)、11.1μlのDNAポリメラーゼI(9U/μl)をポルテックスして混合し、16°Cで150分間保温した。反応後、23μlのブランチングdNTPミックス(blunting dNTP mix)、2μlのクローン化Pfu DNAポリメラーゼ(cloned Pfu DNA polymerase)(2.5U/μl)を加えて、72°Cにて30分間保温した。200μlのフェノール／クロロホルム、クロロホルムで順次抽出し、さらに20μlの3M酢酸ナトリウム、400μlの100%エタノールにて沈殿させた。-20°Cで一晩置いた後、15,000回転で60分間(4°C)の遠心操作により得られた沈殿

は、 $500\mu\text{l}$ の70%エタノールで洗浄し乾燥させた。 $0.4\mu\text{g}/\mu\text{l}$ の濃度のEcoR Iアダプター $9\mu\text{l}$ で沈殿を溶かし、4°Cで45分置いた。 $1\mu\text{l}$ の10xリガーゼバッファー、 $1\mu\text{l}$ の10mM ATP、 $1\mu\text{l}$ のT4 DNAリガーゼ($4\text{U}/\mu\text{l}$)を添加し、8°Cにて一晩連結反応を行った。70°Cにて30分保温し、酵素を失活させ、遠心操作で反応液をチューブの底に集めた後、5分間室温に放置した。 $1\mu\text{l}$ の10xリガーゼバッファー、 $2\mu\text{l}$ のATP、 $6\mu\text{l}$ の滅菌水、 $1\mu\text{l}$ のT4ボリヌクレオチドキナーゼ($10\text{U}/\mu\text{l}$)を加え、37°Cで30分保温した後、70°Cで30分保温して酵素を失活させた。 $28\mu\text{l}$ のXho Iバッファー補助(buffer supplement)、 $3\mu\text{l}$ のXho I($40\text{U}/\mu\text{l}$)を加え、37°C90分間反応させた。室温に戻した後、 $5\mu\text{l}$ の10xSTEバッファーを添加し、Sephacryl S-50カラムにかけて、 $60\mu\text{l}$ の1xSTEバッファーで2回溶出し、 $120\mu\text{l}$ のエタノールを加えて、-20°Cで一晩置いた。15,000回転で60分間(4°C)遠心し、沈殿を得た。 $200\mu\text{l}$ の80%エタノールで洗い、さらに沈殿を乾燥させた。 $6\mu\text{l}$ の滅菌水で溶解してそのうちの $2.5\mu\text{l}$ を用いてベクターへの連結反応を行った。 $2.5\mu\text{l}$ のcDNAに対して、 $1\mu\text{l}$ のUni-ZAP XRベクター($1\mu\text{g}$)、 $0.5\mu\text{l}$ の10xリガーゼバッファー、 $0.5\mu\text{l}$ の10mM ATP、 $0.5\mu\text{l}$ のT4 DNAリガーゼ($4\text{U}/\mu\text{l}$)を加えて12°Cにて一晩反応させた。ギガパックIIIゴールドパッケージングエクス トラクトに $1\mu\text{l}$ のライゲーション混合液を添加し、良く混合し、室温にて2時間保温した。 $500\mu\text{l}$ のSMバッファー(5.8g NaCl 、 $2.0\text{g MgSO}_4 \cdot 7\text{H}_2\text{O}$ 、 $50\text{ml } 1\text{M Tris-HCl (pH7.5)}$ 、 $5\text{ml } 2\%(\text{w/v})$ ゼラチンを脱イオン水で1Lとしたもの)を加え、さらに $20\mu\text{l}$ のクロロホルムを加えた後、穏やかに混合した。遠心し、その上清を別のチューブに移して4°Cに保存した。 $0.1\mu\text{l}$ 、 $1\mu\text{l}$ のパッケージ化反応液(packaged reaction)を用いてフージのタイターを測定した。 $0.1\mu\text{l}$ から約300のplaquesが得られたことから $1\mu\text{l}$ あたり3000PFU (plaque forming unit)と考えられた。宿主大腸菌にはXL1 Blue MRF'を用いた。 $20\text{ml LB/10mM MgSO}_4/0.2\%$ マルトースで37°C 6時間培養し、OD₆₀₀が1.0になる前に氷上に5分置き、 500xg で10分遠心した。沈殿した菌に対して 10ml の10mM MgSO₄を加えて懸濁し、OD₆₀₀が0.5となるように10mM MgSO₄で希釈

した。17 μ lのパッケージ化反応液 (packaged reaction) を600 μ lの新鮮に調製されたXL-1 Blue MRF'に加え、37°Cで15分保温した。45°Cにあらかじめ保温しておいた6.5ml NZYトップアガー(0.7%(w/v)アガロースをNZY培地に加えオートクレーブしたもの)を加えてNZY寒天プレート(5gのNaCl、2.0gのMgSO₄·7H₂O、5gの酵母抽出物、10gのNZアミン、15gの寒天を脱イオン水で1Lとしたもの、pHはNaOHで7.5に調整し、オートクレーブ後、滅菌済みのシャーレにまいたもの)にまいた。37°Cで6時間培養し、Hybond N+ filter(アマシャム社、RPN203B)をプレート上においてブラークを移し、1.5M NaCl/0.5M NaOHで7分間変性させた後、1.5M NaCl/0.5M Tris-HCl (pH7.2)/1mM EDTAで5分間処理することにより中和し、最後に2XSSCでリーンスした。乾燥させたのち、StrataLinker (ストラタジーン社)を用いて120mJのUVでフィルターにブラークを固定した。

(3) cDNAライブラリーのスクリーニング

「DDEST32」のDNA断片は2%アガロースゲルにより分離し、QIAEX IIゲル抽出キット (キヤゲン社)によりアガロース切片から回収した。これをプローブとして、ランダムラベルによりラベルした。メガプライムキット (アマシャム社、RPN1607)を用い、25ngのプローブDNAに対して5 μ lのプライマー溶液を加えて、95 °Cにて5分保温した。室温にて放置し、さらに10 μ lのラベリングバッファー、18 μ lの水、アルファ³²P dCTP、2 μ lのクレノウ・フラグメントを混合し、37°Cで30分間保温した。2 μ lの0.5M EDTAを添加して反応を停止させ、ファルマシアProbeQuant G-50カラムにて遊離のアルファ³²P dCTPを除去した。60°Cにてラピッドハイブリバッファー (Rapid hybrid buffer/アマシャム社、RPN1636)でプレハイブリダイゼーションした後、標識したプローブを95°Cで熱変性させ、氷上で急冷し、ハイブリバッファーに添加し、60°Cで2時間振とうしながらハイブリダイゼーションさせた。プローブは2x10⁶cpm/mlの濃度で用いた。フィルターに対し、2XSSC /0.05%SDSを用いて室温で10分の洗浄を3回行い、さらに0.1xSSC/0.1%SDSで60°Cで20分の洗浄を2回行った。陽性ブラークから採取したファージはSMバッファー

で希釈し、10cmシャーレに約100ブラークが形成されるように希釈して まいた。こうして2次スクリーニングを行い、さらに3次スクリーニングまで行 った。その結果、陽性クローンとしてクローン「#32-8-1」を得た。Uni-ZAPベクターにクローニングされている遺伝子は、インピボ切除法により通常のプラスミドDNAとして回収した。

[実施例2] 「32-8-1遺伝子」の配列の決定

(1) RACEのためのcDNAライブラリーの作製

マラソンcDNA増幅キット(クロンテック社)を用いてRACEのためのcDNAを合成した。TNFアルファ刺激したHUVEC細胞から得られた全RNA 1μgを用いて実験を行った。10μMのオリゴdTプライマーを1μl加え、全量5μlとし、70°Cにて2分保温し、2分間氷上に置いた。これに2μlの5X第1鎖バッファー、1μlの10mM dNTPミックス、1μlの100unit/μlのMMLV逆転写酵素を加え10μlとして、42°Cで1時間保温し、第1鎖cDNAを合成した。これにさらに5x第2鎖バッファー16μl、10mM dNTPミックス1.6μl、20x第2鎖酵素液(Second-strand enzume cocktail) 4μlを加え、水を加えて、全量80μlとして16°Cで90分間保温した。5units/μlのT4 DNAポリメラーゼ2μlを添加した後、16°C45分の反応を行った。4μlの20XEDTA/グリコーゲンを添加した後、等量のエタノール/クロロフォルム、イソアミルアルコール/クロロフォルムで除タンパク質を行った。

35μlの4M酢酸アンモニウム、263μlの95%エタノールでエタノール沈殿を行い、80%エタノールで洗浄し、10分間自然乾燥させた。脱イオン水10μlに溶解し、7.5μlを使ってアダプターの連結反応を行った。3μlの10μM マラソンcDNAアダプター、3μlの5XDNAライゲーションバッファー、1.5μlの(1units/μl)T4 DNAリガーゼを加えて、16°Cにて1晩反応させた。70°C5分の保温により、酵素を失活させ、キットに添付のトリシン-EDTAバッファー135μlを加えて全量150μlとした。

(2) RACEによるcDNAクローンのクローニングと塩基配列の決定

クローン#32-8-1は遺伝子内にある制限酵素認識部位、Pst I、Xba I、BamH I、

EcoRIを利用してサブクローニングを行い、ダイターミネーターサイクルシーケンシングFSレディーリアクションキット (Dye Terminator Cycle Sequencing FS Ready Reaction kit/パーキンエルマー社、Catalog #402122) を用いたサイクルシークエンス法にて塩基配列を決定した。

表1に、用いたプライマーの配列を示す。「C」は相補鎖DNAに対するプライマーであることを示す。

表1

プライマー番号		DNA配列	
106	C	CTCCCCATCCCTCGTCCACC	(配列番号 : 14)
XE	C	CTCTGACTCTGACTGACTGG	(配列番号 : 15)
EX		ATGAGTTGGTTACAGCTGG	(配列番号 : 16)
402		TCAGAGAGCGTTATGGAACC	(配列番号 : 17)
XER		AGTCTTGCTGGAACAAAGA	(配列番号 : 18)
801		ACTGTTACTACTTCTGATGC	(配列番号 : 19)
1192-1161		TCTGATGGTCCCACAGTCTG	(配列番号 : 20)
1282	C	GTTGTTCGCAGCCAGGGAT	(配列番号 : 21)
1524		CTGAGCATCGTGGGGGTTC	(配列番号 : 22)
1449	C	CCTCATCTCTGTAGAGTGTC	(配列番号 : 23)
1683		TGTTAGCCCCCTCACTAAGG	(配列番号 : 24)
1803		GCTATGTGCTAGGAAATACG	(配列番号 : 25)
2116		TAGGGAGAAGGATCAGAGCG	(配列番号 : 26)
607-93		ACAGATTCTGACTCACTGG	(配列番号 : 27)
128		TGGAAATAGGCATTCTTCAG	(配列番号 : 28)
607-462		ATACAAAGACGGTCTAATCC	(配列番号 : 29)

2920	C	CCGCTTCCCCATCTTAGAAC	(配列番号 : 30)
3121		TATCTCGTGTGGAAGATGTG	(配列番号 : 31)
2266-107	C	ACATAAAATGTTGCTATCACC	(配列番号 : 32)
3361		TGCCACTTAGTAGGCCGAGTG	(配列番号 : 33)
3615		GCATTGCATTACAGTTGAGC	(配列番号 : 34)
1301	C	TCCTCCTTGACAATGTCTG	(配列番号 : 35)
BXR	C	CATTTCGACTGTTCTTAATC	(配列番号 : 36)
BX	C	TCAGTGATGTGCCACAGAT	(配列番号 : 37)
4221	C	CAGTAGGTTAACTGCTTCGG	(配列番号 : 38)
BX		AGTTCCAGTCTTCTTCGG	(配列番号 : 39)
4335		TTTCTTCACTGGGCTGAAGTC	(配列番号 : 40)
XBR		CCTCTGAAGACGGACGTCTG	(配列番号 : 41)

これにより5146bpの塩基配列が決定された。EcoR Iの認識部位の最初のGの塩基を番号1とした際の468番目の塩基からPDZドメインは始まり、約80アミノ酸の繰り返し構造が3つ存在したが、その直後に終止コドンが存在していた。遺伝子の3'領域の配列にも先の終止コドンから約2kb離れたところに3個のPDZドメインが存在した（なお、このクローン#32-8-1には、約2kbのイントロンに由来する配列が転写されて挿入されおり、このために最初の3つのPDZドメインの直後に終始コドンが生じていることが、後の実験で判明した）。

そこで、後半に存在する3個のPDZドメインの位置から5'RACE(Rapid amplification of cDNA End)を行った。前述の5μlのcDNAを使ってキットのマニュアルに従い、5'RACEを行った。反応液は、5μlのcDNA、5μlの10xAdvantage™ KlenTaqバッファー（キット添付のものを使用）、4μlの2.5mM dNTP、1μlの10μM AP1プライマー（CCATCCTAATACGACTCACTATAGGGC(配列番号 : 42)）、1μlの10μM 32-8-1 5'RACEプライマー#22 (TTGGGGTGGGGAGAGGAGGTAGATTGC(配列番号 : 43))、1μlの

AdvantageTM KlenTaqポリメラーゼミックス(東洋紡社 CLK8417-1)、33μl の脱イオン水を混合し、50μlとした。パーキンエルマーサーマルサイクラー2400を使ってPCR反応を行った。94°C1分、94°C5秒および72°C2分を5回、94°C5秒および70°C2分を5回、94°C5秒および68°C2分を25回の反応では鮮明なバンドを検出することはできなかった。同じ条件でネスティッドPCRを行い、約1.8kbのバンドを得た。但し、プライマーはAP2プライマー (ACTCACTATAGGGCTCGAGCGGC(配列番号：44))、32-8-1 5'RACEプライマー#1034 (GCACATCACCAAGTGGGCTGCCTACTC(配列番号：45)) を用い、最初のPCR産物を50倍に希釈したものを5μl用いた。また、94°C5秒および68°C2分を25回ではなく15回でおこなった。その結果、2kbのギャップのないcDNAクローン「32-8-1/5R3」を得ることができた。

次いで、クローン32-8-1/5R3の塩基配列の決定を行った。表2に、32-8-1/5R3の塩基配列の決定に用いたプライマーの配列を示す。「C」は相補鎖DNAに対するプライマーであることを示す。

表2

プライマー番号		DNA配列
EX		ATGAGTTGGTTACAGCTGG (配列番号：46)
456	C	AATCTAATGCAGCTCGCCTG (配列番号：47)
XER		AGTCTTGCTGGGAACAAAGA (配列番号：48)
678	C	TCACTTTAGAAGGGGCACAT (配列番号：49)
801		ACTGTTACTACTTCTGATGC (配列番号：50)
1192-1161		TCTGATGGTCCCACAGTCTG (配列番号：51)
1282	C	GTTGTTCGCAGCCAGGGAT (配列番号：52)
1524		CTGAGCATCGTGGGGTTTC (配列番号：53)
1449	C	CCTCATCTGTAGAGTGTC (配列番号：54)

2116		TAGGGAGAAGGATCAGAGCG (配列番号 : 55)
1301	C	TCCTCCTTGACAATGTCTG (配列番号 : 56)
839		TTTCATCATCTACAGCCAGT (配列番号 : 57)
1389		TGACACCCTCACTATTGAGC (配列番号 : 58)

クローン#32-8-1およびクローン32-8-1/5R3の塩基配列を併せて決定された2819bpの塩基配列を配列番号:59に示す。

[実施例3] RACEによる32-8-1/5R3cDNAクローンの5'側上流のcDNAクローンのクローニング

5' RACE(Rapid amplification of cDNA End)法により32-8-1/5R3クローンの5'側の上流のcDNAクローンの単離を試みた。cDNAとしてヒト心臓のcDNAライブラリーとヒト胎児肝臓のcDNAライブラリーを用いた。ヒト心臓のcDNAライブラリーからは2.8kb, 1.2kbの2種類のクローンを得た。ヒト胎児肝臓のcDNAライブラリーからは1.1kbのクローンを得た。以下にクローニングの手順を示す。

ヒト心臓のcDNAライブラリーはcDNAライブラリーヒト心臓(宝酒造社、カタログ # 9604)を用いた。pAP3neo(Genebank Accession No. AB003468)ベクターに挿入されたcDNAを含むプラスミドDNAが形質転換されている大腸菌XL1 Blue-MRF'を常法により培養してアルカリ法によりプラスミドDNAを回収し、そのうちの10ngをテンプレートとして用い、PCRにより5'側の上流のcDNAクローンを得た。反応液は、10ngのcDNA, 5ulの10x AdvantageTM KlenTaqバッファー(キット添付のものを使用), 4ulの2.5mM dNTP, 1ulの10uM AP3neo5'プライマー(キット添付のものを使用: 5'-GCCCTTAGGACGCGTAATACGACTC-3' (配列番号 : 60)), 1ulの10uM 32-8-1 5' RACEプライマー#686(5'-AGCCAGTATCTGATCTCCGACTTG-3' (配列番号 : 61)), 1ulのAdvantageTM KlenTaqポリメラーゼミックス(東洋紡社、CLK8417-1), 脱イオン水を混合し、50ulとした。パーキンエルマーサーマルサイクラー2400を使ってPCR反応を行った。94度1分、94度5秒および72度4分を5回、94度5秒および70度4分を5回、94度

5秒および68度4分を25回の反応では2.8kb,1.2kbのバンドを検出した。0.8%アガロースゲルにて分離後、該当のバンドを切りだしてQIAquickゲル抽出キット(キヤゲン社、28706)にて精製し、pGEM-TベクターシステムI(プロメガ社 A3600)のマニュアルに従いTAクローニングした。2.8kb,1.2kbの2種類のクローンそれぞれ686-1-4,686-1-2と名付けた。クローン686-1-2の配列はクローン686-1-4(配列686-1-4)の配列に含まれており、配列番号：3の1585位よりはじまり同じく2793位にて終わっていた(図7参照)。

ヒト胎児肝臓のcDNAライブラリーとしてマラソンレディーヒト胎児肝臓cDNA(クロンテック社)を用いて5'RACEを行った。反応液は、5ulのcDNA,5ulの10xAdvantageTM KlenTaqバッファー(キット添付のものを使用),4ulの2.5mM dNTP,1ulの10uM AP1プライマー(キット添付のものを使用:5'-CCATCCTAATACGACTCACTATAGGGC-3'(配列番号：42)),1ulの10uM 32-8-1 5'RACEプライマー#686(5'-AGCCAGTATCTGATCTCCGACTTG-3'(配列番号：60)),1ulのAdvantageTM KlenTaqポリメラーゼミックス(東洋紡社、CLK8417-1),33ul脱イオン水を混合し、50ulとした。パーキンエルマーサーマルサイクラー2400を用いてPCR反応を行った。94度1分、94度5秒および72度6分を5回、94度5秒および70度6分を5回、94度5秒および68度6分を25回の反応では鮮明なバンドを検出することはできなかった。さらに反応液を50倍に希釈し、そのうちの5ulと5ulの10xAdvantageTM KlenTaqバッファー(キット添付のものを使用),4ulの2.5mM dNTP,1ulの10uM AP2プライマー(キット添付のものを使用:5'-ACTCACTATAAGGGCTCGAGCGGC-3'(配列番号：44)),1ulの10uM 32-8-1 5'RACEネスティッドプライマー#FLN(5'-ATTTCACTTTAGAAGGGGCACAT-3'(配列番号：62)),1ulのAdvantageTM KlenTaqポリメラーゼミックス(東洋紡社、CLK8417-1),33ulの脱イオン水を混合し、50ulとした。94度1分、94度5秒および72度6分を5回、94度5秒および70度6分を5回、94度5秒および68度6分を15回の反応でネスティッドPCRを行い、約1.1kbのバンドを得た。0.8%アガロースゲルにて分離後、該当のバンドを切りだしてQIAquickゲル抽出キット(キヤゲン社、28706)にて精製し、pGEM-Tベクタ

ーシステムI(プロメガ社、A3600)のマニュアルに従いTAクローニングを行った。これにより3種類のクローンを得て、HFL#5、HFL#12、HFL#6と名付けた。HFL#5、HFL#12は配列番号：3の塩基配列の1357位から、HFL#6は配列番号：3の塩基配列の1377位から始まり、RACEに用いたプライマー#FLNの配列までを含んでいた(図7参照)。

塩基配列の決定は前述の方法に従い、ダイターミネーターサイクルシーケンシングFSレディーアクションキット(Dye Terminator Cycle Sequencing FS Ready Reaction kit/パーキンエルマー社、Catalog #402122)を用いたサイクルシークエンス法を利用して行った。これまでに決定していた配列と新規に決定した配列を結合したものを配列番号：3に示す。また、図3に9つのPDZドメインの配列を並べて示した。なお、サイクルシークエンス法による塩基配列の決定に用いたプライマーを表3に示す。

表3

プライマー番号	DNA配列
686A	GGCATAACTTACTTACTTG (配列番号：63)
686B	ATCTACTAAGTCAGCATCAT (配列番号：64)
686C	ATTGCAAGGTGTGTAGTCAT (配列番号：65)
686D	TTCCTTCTGTGCTACCCGAT (配列番号：66)
686E	GGACTATCTTCCAGAACATG (配列番号：67)

[実施例4] 「38-2-1」遺伝子がコードするタンパク質に相同性を有するタンパク質の検索

BLASTN検索およびBLASTP検索の結果、2703bpからなる「Mus musculus 90RF binding protein 1 (9BP-1) mRNA, partial cds.」(LOCUS: MMAF000168, ACCESSI

ON: AF000168) が相同性のある遺伝子として検出された。この遺伝子の登録記載日は18-MAY-1997であった。「38-2-1」遺伝子がコードするタンパク質（配列番号：1に記載のアミノ酸配列の847位以降アミノ酸配列）とAF000168のアミノ酸配列を整列したものを図1にしめす。なお、図中には配列番号：1に記載のアミノ酸配列の847位のアミノ酸を「1番目」としてそれ以降のアミノ酸配列の比較が示してある。

また、7516bpからなる「*Rattus norvegicus mRNA for multi PDZ domain protein*」(LOCUS: RNMUPP1, ACCESSION: AJ001320)および1768bpからなる「*Homo sapiens mRNA for multi PDZ domain protein*」(LOCUS: HSMUPP1, ACCESSION: AJ001319)が相同性のある遺伝子として検出された。これらの遺伝子の登録記載日は26-MAR-1998であった。「32-8-1」遺伝子がコードするタンパク質（配列番号：1に記載のアミノ酸配列の921位以降のアミノ酸配列）とAJ001319のアミノ酸配列を整列したものを図2に示す。「32-8-1」遺伝子がコードするタンパク質（配列番号：1に記載のアミノ酸配列）とAJ001320のアミノ酸配列を整列したものを図3および図4に示す。

【実施例5】ノーザンプロッティングによる発現の組織特異性の解析

クロンテックヒト組織ノーザン(MTN)プロット(Catalog #7760-1)、ヒト組織ノーザン(MTN)プロットIV(Catalog #7766-1)を用いて遺伝子発現の組織特異性を解析した。ノーザンプロットは常法にて従い、BamH I-Xba I断片（配列番号：3に記載の3709位から4337位）をプローブとして用い（プローブの位置は図7参照）、メガプライムDNAラベリングキット(アマシャム社、catalog RPN1607)を用いて25ngのDNA断片をアルファ³²P dCTPでラベルした。MTNプロットとMTNプロットIVはExpressHybハイブリダイゼーション溶液(クロンテック社、Catalog 8015-2)5mlにて68°C30分間プレハイブリダイゼーションを行い、1x10⁷cpmのラベルされたプローブを同じくExpressHybハイブリダイゼーション溶液5ml(2x10⁶cpm/ml)にて68°C、2時間ハイブリダイズさせた。2xSSC(0.3M NaCl、0.03Mクエン酸ナトリウム

(pH7.0))/0.05%SDSを用いて室温で10分3回フィルターを洗浄し、さらに0.1XSSC/0.1%SDSにて50°Cで15分2回洗浄した後、FUJIイメージングプレートにて1 晚感光させ、FUJI BAS2000にて解析した。図5に示すように組織としては、心臓、胎盤、骨格筋、胎児脳、胎児肺、胎児腎臓、小腸、膀胱、胃、前立腺、HeLa細胞S3、肺癌A549細胞、黒色腫G361細胞で約8kbの転写物の高い発現を同定したが、肺、およびリノバ球系の組織（脾臓、胸腺）、細胞株（プロットCのレーン1、3、4、5、6）での発現は無いか低かった。心臓、肝臓、腎臓、胎児肝臓においては約5.5kbの転写物が主に発現されていた。

また、同様に、NdeI 1.2Kb-#1プローブ（配列番号：3の1から1091位）（プローブの位置は図7参照）を用いて、ノーザンプロット解析を行った。その結果、5.5kbの転写物のバンドが検出されなかった（図6）。この事実と胎児肝臓から5' RACEによる5'末端のcDNAをクローニングしたところ心臓で発現している転写物の5'末端から1357、1377塩基下流からの配列しか含んでいなかったこと（図7）を考え合わせると、心臓と肝臓で転写開始部位が異なるために転写物の長さに相違が生じたと考えられる。したがって、肝臓から発現される32-8-1遺伝子がコードするペチドは1396番目の塩基から始まるATGが最初のメチオニンをコードしていることが予想され、心臓で発現している転写物が1373アミノ酸をコードしうるのに対して、肝臓からの転写物は1005アミノ酸をコードし、PDZドメインEを含まず368アミノ酸短いと考えられる。PDZドメインEを含まないとの生物学的な意味合いは現在のところは不明であるが、PDZドメインがタンパク質-タンパク質間の相互作用に重要なドメインであることからこの部位が消失していることにより肝臓細胞で他の組織とは異なるシグナルの制御に関連している可能性が高い。

[実施例6] 32-8-1タンパク質の大腸菌による発現

（1）発現ベクターの構築

GST（グルタチオン-S-トランスフェラーゼ）タンパク質との融合タンパク質として発現させるためにファルマシア社のpGEX-2TK（Genebank Accession U138

51) に32-8-1遺伝子の一部分をGST遺伝子のカルボキシ末端に結合させた。ベクターの構築についてはPCRアプリケーションマニュアル(ベーリンガーマイハイム社)のジ-/トリヌクレオチドスティックエンドクローニング法のW.Dietmaierらの方法に従った。pGEX-2TK 1ugを10xハイバッファー2ul, 20ユニットの制限酵素EcoRI, BamHIで20ulの反応液により37度3時間反応させた。QIAquickカラム(キアゲン社)によりマニュアルに従いタンパク質を除去精製し、30ulの蒸留水により溶出した。27ulを用いて、これに宝酒造社のクレノウ酵素に添付の10xクレノウバッファー(100mM Tris-HCl(pH7.5), 70mM MgCl₂, 1mM DTT)3ulと1.5ulの2mM dGTPを混合し、4ユニットのクレノウ酵素を添加して室温にて15分間反応させた。75度15分の加熱処理で酵素を失活させた後、再びQIAquickカラム(キアゲン社)によりマニュアルに従いタンパク質を除去精製した。

#32-8-1のDNA 50ngをテンプレートとしてPCR反応にて発現させる32-8-1遺伝子の1112-1373番のアミノ酸をコードする領域を增幅した。増幅反応はKOD DNAポリメラーゼ(東洋紡社)の10Xリアクションバッファー#1を5ul、10uMのプライマー502-508(5'-ATCGGGTCCATTCCATTCAAGAGAGG-3' (配列番号: 68))と10uMのプライマー758-763E(5'-AATTGTCAAGAGAGAACCATCAAAGTGG-3' (配列番号: 69))をそれぞれ5ul、2.5mM dNTPを4ul、25mM MgCl₂を2ul、滅菌水27ulを加えて、さらに2.5ulのKOD DNAポリメラーゼを混合し、94度2分後、98度15秒、65度2秒、74度30秒の反応を25サイクルで行った。QIAquick PCR精製キットを用いて、マニュアルに従い798bpのPCR産物を精製した。精製PCR断片2ulをベーリンガー社の5xT4 DNAポリメラーゼバッファー(330mM Tris-酢酸, pH8.0; 660mM 酢酸カリウム; 100mM 酢酸マグネシウム; 5mM DTT)を7ul、2mM dCTP 1.5ul、滅菌水21.5ulと混合し、T4 DNAポリメラーゼ3ユニットを加えて、12度にて30分間反応させた。80度で15分間保温して失活させて、QIAquick PCR精製キットによりマニュアルに従い精製した。1ユニットのT4 DNAリガーゼ(プロメガ社)で添付のバッファー(30mM Tris-HCl(pH7.8), 10mM MgCl₂, 10mM DTT, 1mM ATP)を用いてpGEX-2TKを制限酵素EcoRI, BamHIで消化し、

クレノウ反応させたものとT4 DNAポリメラーゼで処理したPCR産物と15度で一晩連結反応を行い、その反応液で大腸菌DH5アルファを形質転換した。この形質転換体が発現する組み換えタンパク質をGST-PDZ56と名付けた。

同様にして、プライマー1-7(5'-ATCGATGGGTAGTAATCACACACAG-3' (配列番号: 70))とプライマー527-532E(5'-AATTGCTATACTGGATCCAGAGAGTGG-3' (配列番号: 71))でクローン32-8-1/5R3をテンプレートとして配列番号: 1のアミノ酸611番から1142番をコードするPCR産物を上述の方法によって作製し、同じ条件にてT4 DNAポリメラーゼで処理し、精製後、pGEX-2TKを制限酵素EcoRI, BamHIで消化し、クレノウ反応させたものと連結反応を行い、その反応液で大腸菌DH5アルファを形質転換した。この形質転換体が発現する組み換えタンパク質をGST-PDZ14と名付けた。

GST-PDZ56を発現する大腸菌の形質転換体は以下の方法により選択した。得られた大腸菌の形質転換体のコロニーを4つ拾い、2ml LB培地(5gバクト-イーストエクストラクト(ディフコ社), 10gバクト-トリプトン(ディフコ社), 10g NaClを蒸留水に溶解して1Lとしたもの)に100ug/mlのアンビシリンを添加した培地で37度で一晩震とう培養し、これを100倍に同じ組成の培地に希釀して、IPTG(イソプロピルチオガラクトシド)を最終濃度0.1mMになるように添加し、37度で3時間振とう培養してそのうちの100ulを15,000回転10秒の遠心操作により沈殿させ、これを10%-20%SDS-ポリアクリルアミドゲルにより解析した。その結果、いずれの形質転換体についてもIPTGにより約55KdaのGST融合タンパク質が誘導発現できたことがクマシ染色により容易に検出できた(図9)。さらにウエスタンプロットによっても抗GST抗体により誘導発現された55Kdaのタンパク質のバンドが確認された(図10)。検出は10%-20%SDS-ポリアクリルアミドゲルにより分離したサンプルをミリボア社のイモビロン-PにBio-Rad社のセミドライブロッターを使って、マニュアルに記載の方法に従って、タンパク質を転写した。このフィルターを5%スキムミルク(ディフコ社製)、2.5%牛血清アルブミン(シグマ社、A5940)、T-TBS(20mM Tris-HCl (pH7.5), 150mM NaCl, 0.05% Tween20)で4度で一晩ブロッキングし、フ

アルマシア社のヒツジ抗GST抗体を1000倍に抗体希釈液（1%スキムミルク、0.5%牛血清アルブミン、T-TBS）で希釈し、室温で1時間反応させた後、アルカリリフォスファターゼ標識の抗ヒツジIgGを抗体希釈液で1000倍に希釈し、室温1時間反応させ、GST Detection Module（ファルマシア社）で検出した。

GST-PDZ14についても同様に発現を行った。但し、大腸菌DH5ではIPTGによる誘導発現の効率が良くなかったため、宿主細胞としては大腸菌HB101, JM109を使用した。その結果、図11に示すように大腸菌HB101では発現産物の量はあまり多くはなかったが、大腸菌JM109において90kDa付近にGST-PDZ14由来のバンドがよく誘導されていることが判明した。以下の融合タンパク質の発現精製には大腸菌JM109を用いた。

（2）GST融合32-8-1タンパク質の発現と精製

GST融合タンパク質の発現、精製については羊土社の実験医学別冊「新遺伝子工学ハンドブック／編集：村松正實ら」217ページに記載の融合タンパク質の作製の方法に従った。GST-PDZ14, GST-PDZ56はそれぞれ2LのLB培地で培養し、37度で1時間培養したのち、IPTGを最終濃度0.1mMになるように添加し、25度で5時間震とう培養した。7000回転で10分間にて集菌した後、PBS, 1% TritonX-100からなるソニケーションバッファーにて懸濁し、冷却しながらソニケーションを1分間ずつ5回行った。10,000回転で15分間遠心した、上清をグルタチオンセファロースのカラムに添付し、PBSでよく洗浄した後、GST Purification Moduleのエリューションバッファー（ファルマシアバイテク社）にて精製を行った。

発現に使用したpGEX-2TKベクター（ファルマシア社）には32-8-1遺伝子を挿入したマルチクローニングサイトの上流にスロンビンプロテアーゼにより認識される「Leu-Val-Pro-Arg-Gly-Ser」からなるアミノ酸をコードする領域がインフレームで挿入されているため、この配列を認識してタンパク質を消化できるプロテアーゼであるスロンビンプロテアーゼによりGSTタンパク質に部分を切り放すことができる。このことは32-8-1遺伝子がコードするタンパク質（32-8-1タンパク質）

に対する抗体を作製する際には有効である。グルタチオオンセファロースカラムはGSTタンパク質と結合するため、スロンビンプロテアーゼで消化したタンパク質の溶液をグルタチオオンセファロースカラムにかけることによって、切り離されたPDZ14, PDZ56の部分のみをグルタチオオンセファロースに結合しない分画として精製することができた（図12、13、14）。図12に見られるような約55KdaのGST-PDZ56タンパク質のバンド（レーン11,12）は、スロンビンによる消化により25KdaのGSTタンパク質と約30KDaのPDZ56タンパク質に切断されており（レーン10）、また抗GST抗体を用いたウエスタンブロッティングの結果、抗GST抗体は55Kda、25KdaのGSTタンパク質を含むバンドとのみ反応したため（図13）、確かにPDZ56タンパク質の部分が約30Kdaのバンドとして切り出されていることが判明した（レーン8、9）。同様にしてGST-PDZ14についてもスロンビンの消化により図14にあるように約90KdaのGST-PDZ14は、スロンビンによる消化により25KdaのGSTタンパク質と約65KdaのPDZ14タンパク質の部分とに分離することが可能であるので、以下に示す方法に従い、タンパク質の精製を行った。羊土社の実験医学別冊「新遺伝子工学ハンドブック／編集：村松正實ら」に記載の方法により大腸菌を培養し、ソニケーションをした上清を用いてスロンビンによるタンパク質の消化を行った。詳細な方法についてはGSTジーンフュージョンシステム（ファルマシア社）」16ページに記載のスロンビン切断（Thrombin Cleavage）の項に記載されている方法に従い、融合タンパク質1mgあたり10ul(10cleavage unit)のスロンビンを添加して室温で16時間保温することでGST部分とPDZ14またはPDZ56タンパク質部分を切り離し、グルタチオンセファロースのカラム（ファルマシア社）に切断されたGSTタンパク質部分を結合させることでPDZ14 0.56mg またはPDZ56 3.5mgのタンパク質部分をカラムの素通り分画として回収した。

（3）大腸菌発現抗原によるポリクローナル抗体の作製

ポリクローナル抗体は、精製抗原PDZ14,PDZ56をウサギ2羽ずつに免疫することにより得られた。初回免疫は皮内にウサギ1羽あたりキャリアタンパク質の結合し

た0.5mgのPDZ56または0.22mgのPDZ14を常法により等量のフロイント完全アジュバント(FCA)と混和した抗原エマルジョンとして免疫し、2週間の間隔で0.25mgのPDZ56またはPDZ14を等量のフロイント不完全アジュバント(FICA)と混和した抗原エマルジョンとして皮下にさらに3回の追加免疫をおこなった。抗原に用いたタンパク質をSDS-PAGEにより分離し、PVDF膜(ミリポア社イモビロン-P)に転写後、ウエスタンプロティングにより反応性を確認した。

(4) ペプチドによるポリクローナル抗体の作製

21アミノ酸のペプチド32-8-1-17(配列番号: 72に示す)は岩城硝子社に依頼して合成し、KLH(キーホールリンベットヘモシアニン)タンパク質をキャリアータンパク質としてSulfo-MBS法によりカップリングさせた後、2羽のウサギに免疫した。初回免疫は皮内にウサギ1羽あたりキャリアタンパク質の結合した0.4mgのペプチド32-8-1-17を常法により等量のフロイント完全アジュバント(FCA)と混和した抗原エマルジョンとして免疫し、2週間の間隔で2回目から5回目の免疫を0.2mgのキャリアタンパク質の結合したペプチド32-8-1-17を等量のフロイント不完全アジュバント(FICA)と混和した抗原エマルジョンとして皮下に免疫した。抗体価はペプチド32-8-1-17をコーティングしたELISAプレートを用いて測定し、抗体価が十分上昇したところで抗血清を得た。

(5) ポリクローナル抗体の反応性

ペプチド32-8-1-17、並びにGST融合タンパク質として発現させた後、スロンビンで消化して32-8-1遺伝子産物のみを含むように調製したPDZ14およびPDZ56を、それぞれウサギに免疫して得た抗血清の反応性を、クロンテック社のプロテインメドレイを用いたウエスタンプロッティングにより検出した。具体的には、クロンテック社のプロテインメドレイのうち、ヒト性巣(Testis: T), 骨格筋(Skeletal Muscle: Sk), 肝臓(Liver: Lv), 心臓(Heart: H), 脳(Brain: B)の各組織の細胞破碎液100ugを10%-20%SDS-ポリアクリルアミドゲルにより分離し、ミリポア社のイモビロン-PにBio-Rad社のセミドライプロッターを使って、マニュアルに記載

の方法に従って、タンパク質を転写した。このフィルターを5%スキムミルク(ディフコ社)、2.5%牛血清アルブミン(シグマ社、A5940)、T-TBS(20mM Tris-HCl (pH7.5), 150mMNaCl, 0.05% Tween20)で4度で一晩ブロッキングし、各ウサギ抗血清を5000倍に抗体希釈液(1%スキムミルク、0.5%牛血清アルブミン、T-TBS)で希釈し、室温で1時間反応させた後、ビオチン標識の抗ウサギIgを抗体希釈液で1000倍に希釈し、室温1時間反応させ、さらにHRP(ホースラディッシュペルオキシダーゼ)標識のストレプトアビジン-ビオチン複合体(アマシャム社)を2500倍に抗体希釈液で希釈したものと室温で15分反応させた後、T-TBSでよく洗浄し、アマシャム社のECL検出キットを用いてマニュアルに従い化学発光による反応バンドを検出した。その結果、図15に示すように130Kda付近にいずれの抗体とも反応する32-8-1タンパク質由来と思われるバンドが、肝臓組織のサンプルにおいて検出された。

[実施例7] RACEによる686-1-4上流cDNAクローンのクローニング

5' RACE (Rapid amplification of cDNA End)法によりヒト成人心臓よりクローニングした686-1-4よりもさらに5'側の上流のcDNAクローンを得ることを試みた。以下に詳細に説明する。

(1) RACEによるcDNAクローンD-2のクローニング

ヒト成人脳のcDNAライブラリーとしてクロントック社のマラソンレディーヒト脳cDNA (#7400-1)を用いて5' RACE (Rapid amplification of cDNA End)を行った。5' RACEの反応液の組成は、マラソンレディーヒト成人脳cDNA 5ulと10uM プライマー#878(配列 5'-TTTGTGCCACCAAGCCAAGTCAG-3' (配列番号: 73)), 10uM AP1プライマー(キット添付のものを使用: 配列 5'-CCATCCTAACATGACTCACTATAGGG C-3' (配列番号: 42))をそれぞれ1ul, 1ul AdvantageTM KlenTaqポリメラーゼミックス(東洋紡社 CLK8417-1), 33ul 脱イオン水を混合し、50ulとした。サーマルサイクラーを用いたPCRは、95度1分、95度5秒および72度4分を5回、95度5秒および70度4分を5回、95度5秒および68度4分を25回の反応で行ったが、鮮明なバンド

は検出されなかった。そこで反応液を50倍に希釈し、そのうちの5ulと5ul 10x AdvantageTM KlenTaqバッファー(キット添付のものを使用), 4ul 2.5mM dNTP, 1ul 10uM AP2プライマー(キット添付のものを使用: 配列 5'-ACTCACTATAGGGCTCG AGCGGC-3' (配列番号: 44)), 1ul 10uM 32-8-1 5'RACEネスティドプライマー#7 57 (配列 5'-GTGAAAGGGTAAAGGCTTAGAAC-3' 配列番号: 74)), 1ul AdvantageTM KlenTaqポリメラーゼミックス(TOYOB0 CLK8417-1), 33ul 脱イオン水を混合し、50ulとした。95度1分、95度5秒および72度4分を5回、95度5秒および70度4分を5回、95度5秒および68度4分を15回の反応でネスティドPCRを行い、約1.8kbのバンドを得た。0.8%アガロースゲルにて分離後、該当のバンドを切りだししてQIAquick Gel Extraction Kit (QIAGEN 28706)にて精製し、pGEM-TベクターシステムI(Promega A3600)のマニュアルに従いTAクローニングした。その結果得られたクローンをD-2と名付けた。

塩基配列の決定は前述の方法に従い、ダイターミネーターサイクルシーケンシングFSレディーレアクションキット(パーキンエルマー社 Catalog #402122)を用いたサイクルシークエンス法にて1776塩基対の塩基配列を決定した。決定した塩基配列は590アミノ酸をコードしていた(配列番号: 75)。

(2) RACEによるcDNA クローン1.2Kb#33のクローニング

クローンD-2の配列に存在するオープンリーディングフレームは、配列番号: 3 の配列の781番目の塩基より上流の配列であり、オープンリーディングフレームは閉じておらず、つまり、停止コドンが存在せず、さらに上流にオープンリーディングフレームは続いていると考えられた。そこで、新たにプライマーを作製して5'RACEを行なった。テンプレートとしてクロンテック社のマラソンレディーヒト脳cDNA (#7400-1)を用いて5'RACE (Rapid amplification of cDNA End)を行った。5'RACEの反応液の組成は、マラソンレディーヒト成人脳cDNA 5ulと10uM プライマーB5R-1(5'-GCAGATGGAGAACGGAACTATGG-3' (配列番号: 73)), 10uM AP1プライマー(キット添付のものを使用: 配列 5'-CCATCCTAATACGACTCACTATAGGGC-3

’(配列番号：42)をそれぞれ1ul, 5ul 10x AdvantageTM KlenTaqバッファー(キット添付のものを使用)、4ul 2.5mM dNTP、1ul AdvantageTM KlenTaqポリメラーゼミックス(TOYOB0 CLK8417-1), 33ul 脱イオン水を混合し、50ulとした。サーマルサイクラーを用いたPCRの条件は95度1分、95度5秒および72度3分を5回、95度5秒および70度3分を5回、95度5秒および68度3分を25回の反応で行ったが、バンドを検出することはできなかった。そこで反応液を50倍に希釈し、そのうちの5ulをテンプレートとしてネスティドPCRを行った。5ul 10x AdvantageTM KlenTaqバッファー(キット添付のものを使用)、4ul 2.5mM dNTP, 1ul 10uM AP2プライマー(キット添付のものを使用: 配列 5'-ACTCACTATAGGGCTCGAGCGGC-3' (配列番号：44)), 1ulの10uM プライマーB5R-2 (5'-AACCGGAAACTATGGGGCTGACAA-3' (配列番号：74)), 1ul AdvantageTM KlenTaqポリメラーゼミックス(TOYOB0 CLK8417-1), 33ul 脱イオン水を混合し、50ulとした。95度1分、95度5秒および72度3分を5回、95度5秒および70度3分を5回、95度5秒および68度3分を15回の反応の結果、約0.8 kbのバンドを得た。0.8%アガロースゲルにて分離後、該当のバンドを切りだしてQIAquick Gel Extraction Kit (QIAGEN 28706)にて精製し、pGEM-TベクターシステムI(プロメガ社 A3600)のマニュアルに従いTAクローニングした。その結果得られたクローンを1.2kb#33と名付けた。前述と同様にして塩基配列を決定した結果、71番目の塩基から始まるATGが最初のメチオニンに相当し、235アミノ酸をコードしていた。最後のアミノ酸アルギニンは、クローンD-2における108番から110番の塩基がコードするアルギニンの位置に相当し、クローンD-2の配列の1番から110番の塩基はクローン1.2kb#33と重なっていた。このため、予想されたオープンリーディングフレームの上流すべてがクローニングできたと考えられた。

(3) 組織による発現量の違いの解析

RT-PCRにより、これまでにノーザンプロットで解析した組織を含む24種類の組織についてのmRNAの発現量の比較を行った。cDNAはクロントック社より市販されているヒトMTCパネルI (K1402-1), ヒトMTCパネルII (K1421-1), ヒト胎児MTCパ

ネルI (K1425-1)を用いた。図16-Aに示したものは、以下の反応条件によって行ったPCRの結果である。10ulのPreMixTaq (ExTaq TM Version) (TAKARA PR003A), 2 ulの2uM 686Dプライマー(配列番号：66／配列番号：83の2970～2989位、図17の1～20位に相当する)、2ulの2uM 686Eプライマー(配列番号：67／配列番号：83の3635～3654位、図17の666～685位に相当する)、1ulの第一鎖cDNA、5ulの脱イオン水を混合して20ulとして反応を行った。94度5分、「94度15秒、50度30秒、72度30秒」の3ステップのPCR反応を30回行った後、72度7分の伸張反応を行なった。

その結果、脳(1), 胎盤(7), 骨格筋(8), 卵巣(10), 脾臓(14), 精巣(15), 胎児心臓(18), 胎児腎臓(19), 胎児骨格筋(22)において高い発現が見られた。さらに、15ulのPreMixTaq (ExTaq TM Version) (TAKARA PR003A), 3ulの2uM 686Dプライマー(配列番号：66)、3ulの2uM XEプライマー(配列番号：15／配列番号：83の3915～3934位、図17の946～965位に相当する)、1ulの第一鎖 cDNA、8ulの脱イオン水を混合して30ulとして反応を行った。94度5分、「94度15秒、50度30秒、72度1分」の3ステップのPCR反応を30回行った後、72度7分の伸張反応を行なった。図16-Bが示すように750bp、850bp、950bpの3種類の転写物に由来すると考えられるバンドを検出した。図16-A, 16-Bともに同じ686Dプライマーを使用しており、686EプライマーとXEプライマーの間に存在する配列の中で3種類のスプライシングが生じ、これにより長さの違う転写物を生じていると思われた。中でも発現量の高かった胎児心臓のPCR産物から3種類のPCR産物をクローニングした。クローニングは、該当のバンドを切りだしてQIAquick Gel Extraction Kit (QIAGEN 28706)にて精製し、pGEM-TベクターシステムI(Promega A3600)のマニュアルに従い行った。

(4) クローンFH750、FH850、FH950の遺伝子配列の解析

クローニングしたPCR産物につき、前述の方法に従い、塩基配列の決定を行った。決定したFH750、FH850、FH950の塩基配列を配列番号：79、80、81に示す。また、3種類のDNAの配列を整列したものを図17および図18に示す。配列番号731番までは3種類のDNAの配列は同一であるが、FH850は819番目の塩基から配列がFH950とは異

なり、この直前の配列のどこかでスプライシングが起こっていると考えられる。このスプライシングの結果、FH850では819-821番目の配列に終止コドンが生じ、この部位で翻訳が終結することが予想される。

FH750では、FH950の配列の732番から942番がスプライシングして210bpの遺伝子の欠失が生じている。しかしながら、欠失した領域の前後ではFH950の配列と全く同じフレームで翻訳されると考えられ、FH750型のスプライシングにより生じる転写産物がコードするタンパク質は、FH950型のスプライシングの場合と比較して、70アミノ酸のみが欠失していると考えられる。

1.2kb#33（配列番号：78）、D-2（配列番号：75）、配列番号：3を連結させることにより得られる配列（図26参照）は、プライマー-686Dとプライマー-XEに挟まれた領域は686-1-4の配列に由来し、FH750と同じ配列であった。このFH750型のスプライシングによって生ずることが想定される転写産物に対応するクローンを32-8-1aと命名した（タンパク質のアミノ酸配列を配列番号：82に、cDNAの塩基配列を配列番号：85に示す）。32-8-1aは2000アミノ酸をコードしうる。また、FH950型のスプライシングによって生ずることが想定される転写産物に対応するクローンを32-8-1b（タンパク質のアミノ酸配列を配列番号：83に、cDNAの塩基配列を配列番号：86に示す）と命名した。32-8-1bは2070アミノ酸をコードしうる。これら2つの遺伝子は13個のPDZ ドメインを有する。また、FH850型のスプライシングにより生じる転写産物はこの領域において終止コドンが挿入されるため1239アミノ酸しかコードできない。これはPDZドメインを7個しか有さないことになる。この転写産物に対応するクローンを32-8-1c（タンパク質のアミノ酸配列を配列番号：84に、cDNAの塩基配列を配列番号：87に示す）と命名した。

なお、「32-8-1b」と「AF00168」（*Mus musculus* 90RF binding protein 1 (9BP-1) mRNA, partial cds.）の配列の比較を図20に、「32-8-1b」と「AJ001319」（*Homo sapiens* mRNA for multi PDZ domain protein）の配列の比較を図21に、「32-8-1b」と「AJ001320」（*Rattus norvegicus* mRNA for multi PDZ domain pr

tein) の配列の比較を図22から24にそれぞれ示す。また、32-8-1b遺伝子がコードするタンパク質（配列番号：83）のPDZドメインの配列を図25に示す。

(6) ウエスタンプロッティングによる高分子量32-8-1b蛋白質の同定

ヒト神経芽細胞腫（human neuroblastoma）SH-SY5Y細胞、ヒト奇形癌（teratocarcinoma）NT-2細胞をレチノイン酸で刺激してニューロンに分化させた細胞をSDS-PAGEサンプルバファーに直接溶解したものを、7.5% SDS-ポリアクリルアミドゲルの電気泳動で分離し、ミリポア社のイモビロン-PにBio-Rad社のセミドライブロッターを使って、マニュアルに記載の方法に従って、蛋白を転写した。このフィルターを5%スキムミルク（Difco社製）、2.5% 牛血清アルブミン（Sigma A5940）、T-TBS（20mM Tris-HCl（pH7.5）、150mM NaCl、0.05% Tween20）で4度で一晩プロッキングし、各ウサギ抗血清を5000倍に抗体希釈液（1%スキムミルク、0.5% 牛血清アルブミン、T-TBS）で希釈し、室温で1時間反応させた後、ビオチン標識の抗ウサギIgを抗体希釈液で1000倍に希釈し、室温1時間反応させ、さらにHRP（ホースラディッシュペルオキシダーゼ）標識のストレプトアビシン-ビオチン複合体（アマーシャム社）を2500倍に抗体希釈液で 希釈したものと室温で15分反応させた後、T-TBSでよく洗浄し、アマーシャム社のECL検出キットを用いてマニュアルに従い化学発光による反応バンドを検出した。図19に示すように、SH-SY5Y、NT-Nとともにペプチド32-8-1-17に対するウサギ抗血清#1、およびGST融合蛋白質として発現しスロンビンで消化し32-8-1遺伝子産物のみを含むようにしたPDZ56を免疫したウサギの抗血清#3Dのいずれの抗血清においても250Kdaよりも分子量の大きい蛋白質を検出した。32-8-1b蛋白質が全長2070アミノ酸をコードすることが予想されることとこの分子量の大きさは一致する。

産業上の利用の可能性

本発明のタンパク質および遺伝子を利用することにより、本発明のタンパク質におけるPDZドメインに結合するタンパク質およびその遺伝子を単離することが可

能となった。PDZドメインを有するタンパク質はこれに結合するタンパク質に作用して、細胞増殖、細胞周期、癌化、アポトーシス、細胞接着等に関連したシグナル伝達において機能していることが報告されている。このため、本発明のタンパク質やこれと相互作用するタンパク質とこのようなシグナル伝達との関係が解明されれば、これらタンパク質やその遺伝子を標的として上記細胞増殖などに関連する疾患の治療や診断が可能となると考えられ、これらタンパク質やその遺伝子は治療薬や診断薬の開発などにおいて有用である。

請求の範囲

1. 配列番号：1、2、82、83または84に記載のアミノ酸配列からなるタンパク質。
2. 配列番号：1、2、82、83または84に記載のアミノ酸配列において1もしくは複数のアミノ酸が置換、欠失、および／もしくは付加したアミノ酸配列からなり、PDZドメインに特徴的な他のタンパク質との親和性を有するタンパク質。
3. 請求項1または2に記載のタンパク質と、少なくとも1つの抗体認識部位を含むタンパク質もしくはペプチド、からなる融合タンパク質。
4. 請求項1から3のいずれかに記載のタンパク質をコードするDNA。
5. 配列番号：2に記載の塩基配列からなるDNAもしくはその一部に対するアンチセンスDNA。
6. 請求項4に記載のDNAを含むベクター。
7. 請求項4に記載のDNAを発現可能に保持する形質転換体。
8. 請求項7に記載の形質転換体を培養する工程を含む、請求項1から3のいずれかに記載のタンパク質の生産方法。
9. 請求項1から3のいずれかに記載のタンパク質に被検タンパク質を接触させ、これらタンパク質に結合するタンパク質を選択する工程を含む、請求項1または2に記載のタンパク質に結合するタンパク質のスクリーニング方法。
10. 請求項1または2に記載のタンパク質に被検遺伝子の遺伝子産物を接触させ、請求項1または2に記載のタンパク質に結合する遺伝子産物に対応する遺伝子を選択する工程を含む、請求項1または2に記載のタンパク質に結合するタンパク質をコードする遺伝子のスクリーニング方法。
11. 請求項1または2に記載のタンパク質に結合するタンパク質。
12. 請求項9に記載の方法により単離しうる、請求項11に記載のタンパク質。

13. 請求項1または2に記載のタンパク質に結合するタンパク質をコードする遺伝子。

14. 請求項10に記載の方法により単離しうる、請求項13に記載の遺伝子。

15. 請求項1または2に記載のタンパク質に結合する抗体。

1 / 26

1

848 FISLLKTAKMVKLTIAENPDSQAVPSAAGAASGEKKNNSQSLMVPQSG 897
||||||| |||| : |||| ||||.|| ||||:|||.|| ||
2 FISLLKTAKVKLIVRAENPACPAPVSSAVTSGERKDNSQTPAVP... 48

898 SPEPESIRNTSRSSTPAIFASDPATCPIIPGCETTIEISKGRGLGLSIV 947
.||.|| .||||||:||||||| ||||| ||||| :|||.|||||||
49 APDLEPIPSTSRSSTPAVFASDPATCPIIPGCETTIGVSKGQTGLGLSIV 98

948 GGSDTLLGAFIIHEVYEEGAACKDGRLWAGDQILEVNGIDLRKATHDEAI 997
||||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
99. GGSDTLLGAIIIHEVYEEGAACKDGRLWAGDQILEVNGIDLRKATHDEAI 148

998 NVLRQTPQRVRRTLRYRDEAPYKEEEECDTLTIE..LQKKPGKGLGLSIVG 1045
||||||| .|||||||:||||| ||||| ||||:|||||||
149 NVLRQTPQRVRVTLRYRDEAPYKEEDVCDFTIELQLQKRPKGKGLGLSIVG 198

1046 KRNDTGTVFVSDIVKGGAIDPDGRLIQQGDQILLVNGEDVRNASQEAVAALL 1095
||||||| ||||| ||||| .|||||:|||||||.||.|||||||
199 KRNDTGTVFVSDIVKGGAIDADGRLMQGDQILMVNGEDVRHATQEAVAALL 248

1096 KCSLGTVTLEVGRRIKAGPFHSERRPSQTSQVSEGSLSFTPLSGSSTSE 1145
||||| .|||||:||||| .||||| .||||| .||||| .||| .|||
249 KCSLGAVTLEVGRVKAAPFHSSERRPSQSSQVSESSLSSFTPPLSGINTSE 298

1146 SLESSSKKNALASEIQGLRTVEMKKGPTDSLGISIAGGVGSPLGDVPIFI 1195
||||.||||| .|||| .|||| .||||:||||||| .|||||||
299 SLESNSKKNALASEIQRLRTVEIKKGPADSLGLSIAGGVGSPLGDVPIFI 348

1196 AMMHPTGVAAQTQKLRVGDRIVTICGTSTEGMTHQAVNLLKNASGSIEM 1245
||||| .||||||| .||||| .||||| .||||| .||||| .|||||||
349 AMMHPNGVAAQTQKLRVGDRIVTICGTSTDGMHTQAVNLMKNASGSIEV 398

1246 QVVAGGDVSVTGHQEPASSSLSFTGLTSTSIFQDDLGPQCKSITLER 1295
||||||| .|||. .|||||.||| .|||||| .||| .|||:
399 QVVAGGDVSVTGHQQUEANPCLAFTGLTSSSIFPDDLGPQSKTITLDR 448

1296 GPDGLGFSIVGGYGSPHGDLPIYVKTFAKGAAEDGRLKRGDQIAVNG 1345
||||||| .||||||| .||||||| .||||||| .||||||| .|||||||
449 GPDGLGFSIVGGYGSPHGDLPIYVKTFAKGAAEDGRLKRGDQIAVNG 498

346 QSLEGVTHEEAVAILKRTKGTVTLMVLS 1373
||||||| .||||||| .|||||||
499 QSLEGVTHEEAVAILKRTKGTVTLMVLS 526

2 / 2 6

図 2

921 ATCPIIPGCETTIEISKGRTGLGLSIVGGSDTLLGAFI IHEVYEEGAACK 970
||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
1 ATCPIIPGCETTIEISKGRTGLGLSIVGGSDTLLGAI IHEVYEEGAACK 50
||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
971 DGRLWAGDQILEVNGIDLRKATHDEAINVLRQTPQRVRLTLYRDEAPYKE 1020
||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
51 DGRLWAGDQILEVNGIDLRKATHDEAINVLRQTPQRVRLTLYRDEAPYKE 100
||||| ||||| ||||| ||||| |||||
1021 EEVCDTLTIELQKKPGKGLGLSIVGKRNDTGVFVSDIVKGGIADPDGRLL 1070
||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
101 EEVCDTLTIELQKKPGKGLGLSIVGKRNDTGVFVSDIVKGGIADADGRLM 150
||||| ||||| |||||
1071 QGDQILLVNGEDVRNASQEAVAALLKCSLGTVTLEVGRIGAGPFHSERRP 1120
||||| : ||||| . ||||| ||||| ||||| |||||
151 QGDQILMVNGEDVRNATQEAVAALLKCSLGTVTLEVGRIGAGPFHSERRP 200
|||||
1121 SQTSQVSEGSLSSTFPLSGSSTSSESLESSKKNALASEIQGLRTVEMKK 1170
||. ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
201 SQSSQVSEGSLSSTFPLSGSSTSSESLESSKKNALASEIQGLRTVEMKK 250
|||||
1171 GPTDSLGISIAGGVGSPLGDVPIFIAMMHPTGVAQTQKLRVGDRIVTIC 1220
||||| ||||| ||||| ||||| |||||
251 GPTDSLGISIAGGVGSPLGDVPIFIAMMHPTGVAQTQKLRVGDRIVTIC 300
|||||
1221 GTSTEGMHTQAVNLLKNASGSIEMQVVAAGGDVSVTGHQQEPASSSLF 1270
||||| ||||| ||||| ||||| |||||
301 GTSTEGMHTQAVNLLKNASGSIEMQVVAAGGDVSVTGHQQEPASSSLF 350
|||||
1271 TGLTSTSIFQDDLGPPQCKSITLERGPDLGFSIVGGYGSPHDLPYVK 1320
||||| . ||||| ||||| ||||| |||||
351 TGLTSSSIFQDDLGPPQCKSITLERGPDLGFSIVGGYGSPHDLPYVK 400
|||||
1321 TVFAKGAASEDGRLKRGDQIAVNQSLLEGVTHEEAVAILKRTKGTVTLM 1370
||||| ||||| ||||| ||||| |||||
401 TVFAKGAASEDGRLKRGDQIIAVNQSLLEGVTHEEAVAILKRTKGTVTLM 450
|||||
1371 VLS 1373
|||
451 VLS 453

3 / 26

3

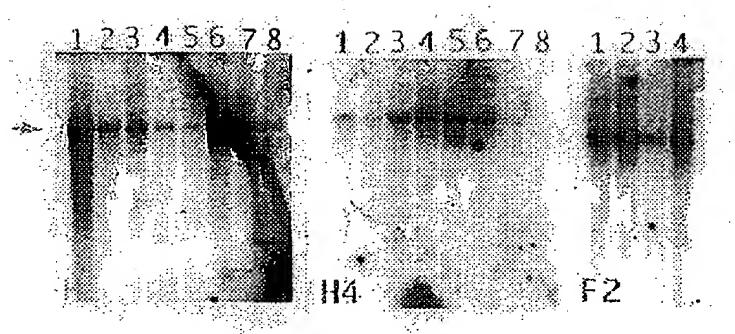
4 / 2 6

図 4

781	FKVQHLELPKDOGGGLGIAISEDTLSGYIJKSLTEHGVAAITDGRKVGD	830	1181	AGGVGSPLGDVPIFIAMMHPPTGVAQTQKLKVGRDRIVTICGSTEGMTHT	1230
1465	LTVYHLELPKDOGGGLGIAICEDTLNGTTIKSLTEGGAAKDGRKPGD	1514	1882	AGGVGSPLGDVPIFIAMMHPPTGVAQTQKLKVGRDRIVTICGSTEGMTHT	1911
831	QILAVDDEIWGYPIEKFISLKTAKMTVKLTTHAENPSQAVPSAAGAA	880	1231	QAVNLKNASGSSTEMQWAGDVSYVTGHQEPAASSLSFTGLTSISIQ	1280
1515	RILAVDDELVAGCPIEKFISLKTAKTIVKLTIVGAENPGCQAVPSAINTA	1564	1912	QAVNLKNASGSSEVQVWAGDVSYWTGHQEALANPLAFTGLTSSTIFFP	1961
881	SGEKKNSSOSLAMPQSGSPSPEPESRNTSSPSPAIFASDPATCP1PGCE	930	1281	DDLGPPQCKSITLERGPQGLFSIVGGSPHGDLPIVKTVFAKGASE	1330
1565	SGERKQSSQTAPV...APDLEPIPSTSRSSTPAIFASDPATCP1PGCE	1611	1962	DDLGPPQSKTTIDRGPDQGLFSIVGGSPHGDLPIVKTVFAKGAAAE	2011
931	TTIEISKGRTGIGLSIVGGSDTILGAFITHEVVEGACKDGRWLWGDQI	980	1331	DGRLKRGDQIIAVNGSILEGVTHEEAVAILKRTKGTVTLWLS	1373
1612	TTIEISKGQTGLGLSIVGGSDTILGAIITHEVVEGACKDGRWLWGDQI	1661	1662	DGRLKRGDQIIAVNGSILEGVTHEEAVAILKRTKGTVTLWLS	2054
981	LEVNGIDLRKATHDEAINVLRQTPQRVRLTYRDEAPYKEEDWCOTLTTE	1030			
1662	LEVNGIDLRKATHDEAINVLRQTPQRVRLTYRDEAPYKEEDWCOTFTVE	1711			
1031	LQKRPKGKGLGLSIVGRNDTGIVFSDIVKGGLADPDRGLQGDQTLVNG	1080			
1712	LQKRPKGKGLGLSIVGRNDTGIVFSDIVKGGLADADGRMLQGDQTLVNG	1761			
1081	EDVRNATGEAVAAALKCSLGTIVLEVGRKIAFPFHSEERRPSQTSQSEGSI	1130			
1762	EDVRNATGEAVAAALKCSLGTIVLEVGRKIAFPFHSEERRPSQTSQSEGSI	1811			
1131	LSSETFPLSGSSTSESLESSKKNALASEIQGLRTYEMKKGPTDSLGISI	1180			
1812	LSSESLPRSGHTSESSESSAKKNALASEIQGLRTYEIKKGPA DALGI SI	1861			

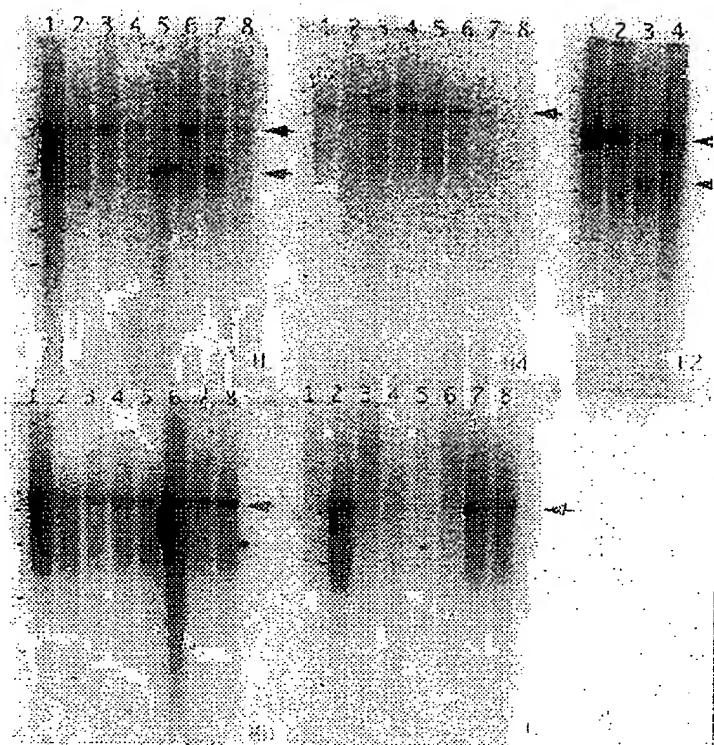
5 / 2 6

図5



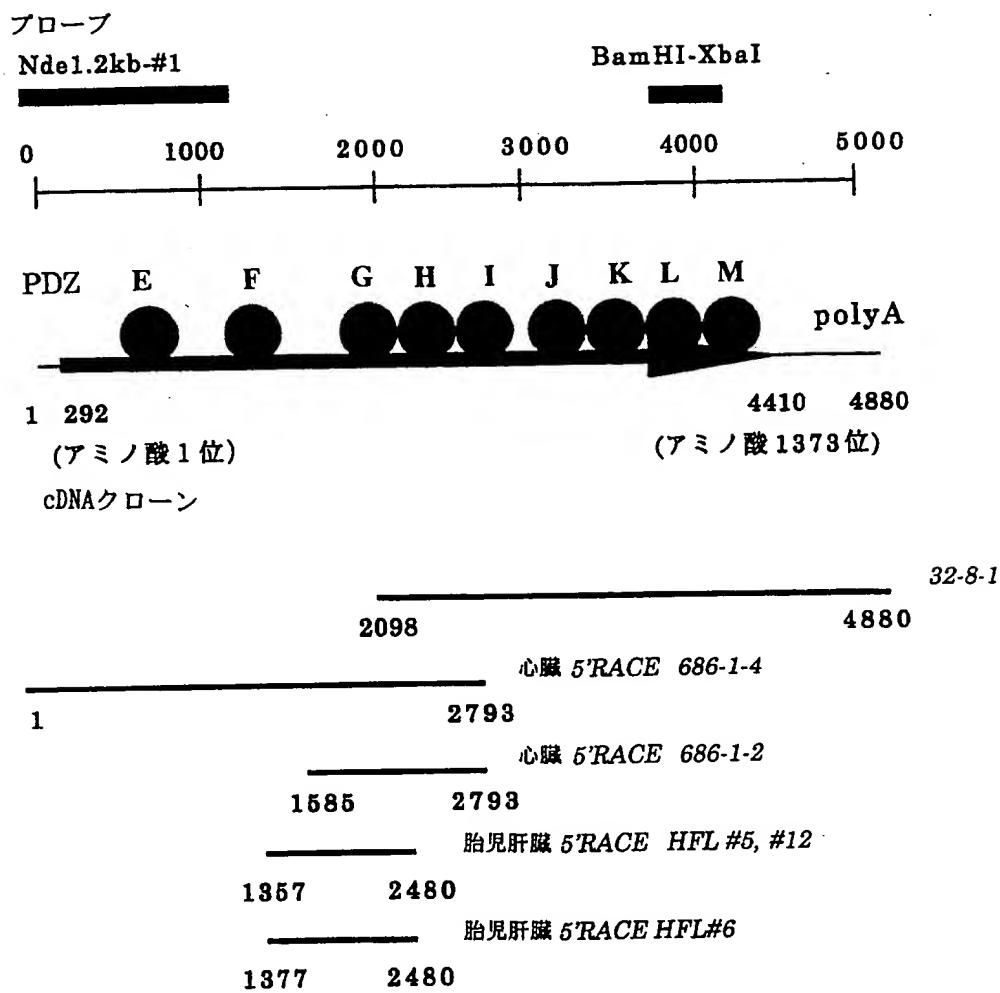
6 / 2 6

図 6



7 / 26

7



8 / 2 6

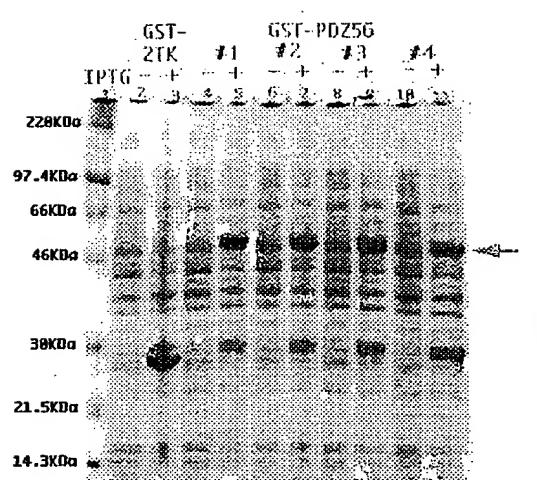
図 8

1	50
PDZ-E	AGIQHIELE. KGSKGLGFSI LDYQD..... PIDPASTVII IRSILVPGGIA
PDZ-F	QNVSKESFER TINIAKGNSS LGMTV..... SANKDGLGMI VRSIIHGGAI
PDZ-G	NQPRRVELWR EPSKSLGISI VGGRGMGSRM SNGEVMRGIF IKHVLEDSPA
PDZ-H	GELHMIELEK GHS. GLGLSL AGNKD..... RSR. M.. SVF IVGIDPNGAA
PDZ-I	KNVQHLELPK DQG. GLGIAI SEEDTLSGVI IKSLTEHGVA
PDZ-J	GCETTIEISK GRT. GLGLSI VGGSD..... TLL. G.. AFI IHEVYEEGAA
PDZ-K	CDTLTIELQK KPGKGLGLSI VGKRN..... DTGVF VSDIVKGGA
PDZ-L	QGLRTVEMKK GPTDSLGISI AGGVG..... SPL. GDVPIF IAMMHPTGVA
PDZ-M	PQCKSITLER GP. DGLGFSI VGGYG..... SPH. GDLPIY VKTVFAKGAA

51	96
PDZ-E	EKDGRLLPGD RLMFVNDVNL ENSSLEEAVE ALKGAPSGTV RIGVAK
PDZ-F	SRDGRIAIGD CILSINEEST ISVTNAQARA MLRRHSLIGP DIKITY
PDZ-G	GKNGTLKPGD RIVEAPSQSE SEPEKAPLCS VPPPPPSAFA EMGSDH
PDZ-H	GKDGRQLQIAD ELLEINGQIL YGRSHQNASA IIKCAP. SKV KIIFIR
PDZ-I	ATDGRLKVGD QILAVDDEIV VGYPIEKFIS LLKTAKM. TV KLTIHA
PDZ-J	CKDGRWLWAGD QILEVNGIDL RKATHDEAIN VLRQTP. QRV RLTLYR
PDZ-K	DPDGRLIQGD QILLVNGEDV RNAS. QEAVA ALLKCSLGTB TLEVGR
PDZ-L	AQTQKLRVGD RIVTICGTST EGMTHTQAVN LLKNAS. GSI EMQVVA
PDZ-M	SEDGRLKRGD QIIAVNGQSL EGVTHEEAVA ILKRTK. GTV TLMVLS

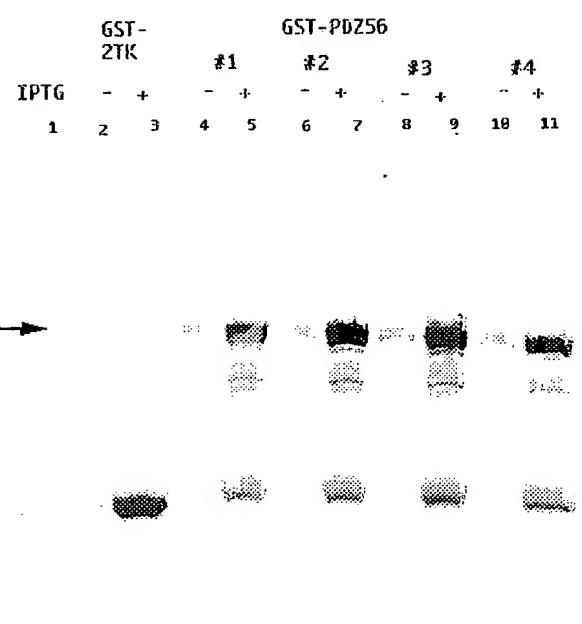
9 / 2 6

図 9



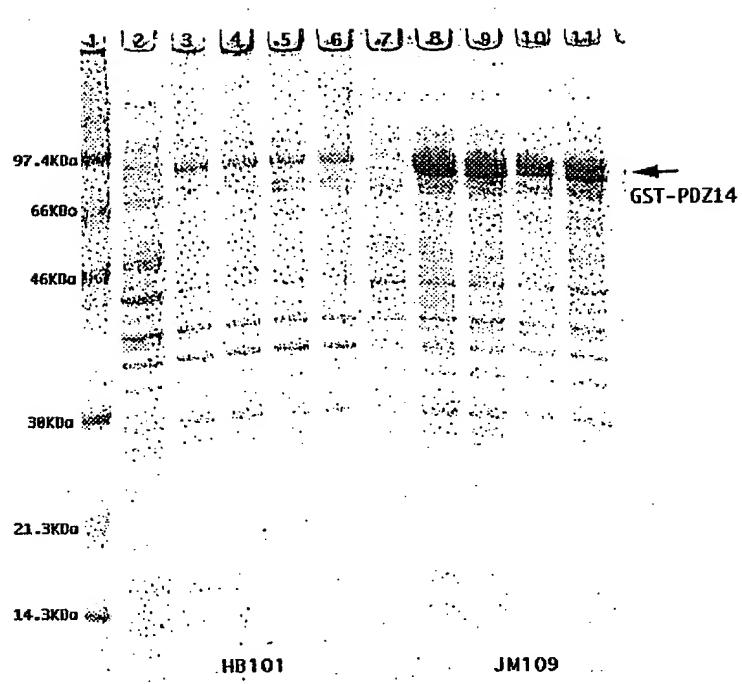
10 / 26

図10



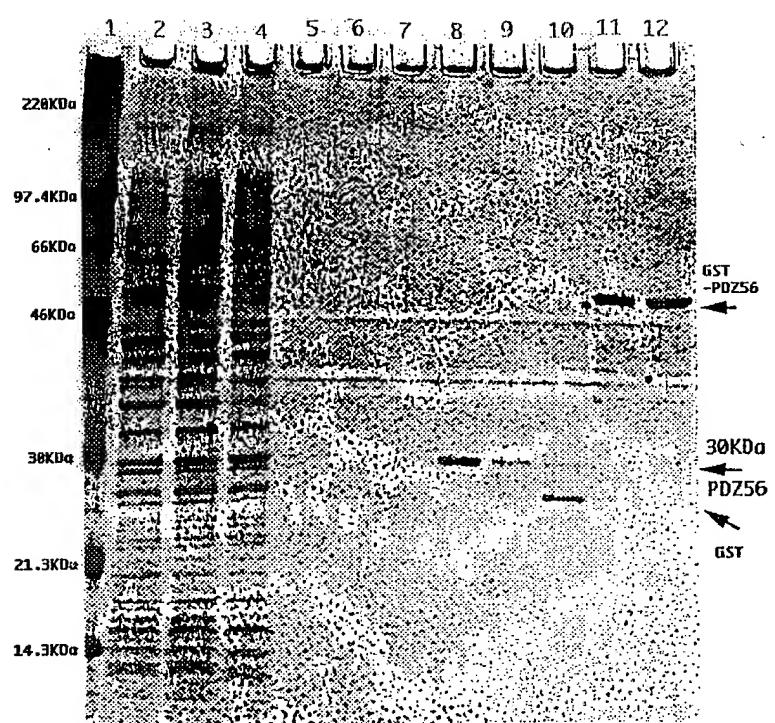
11 / 26

図 11



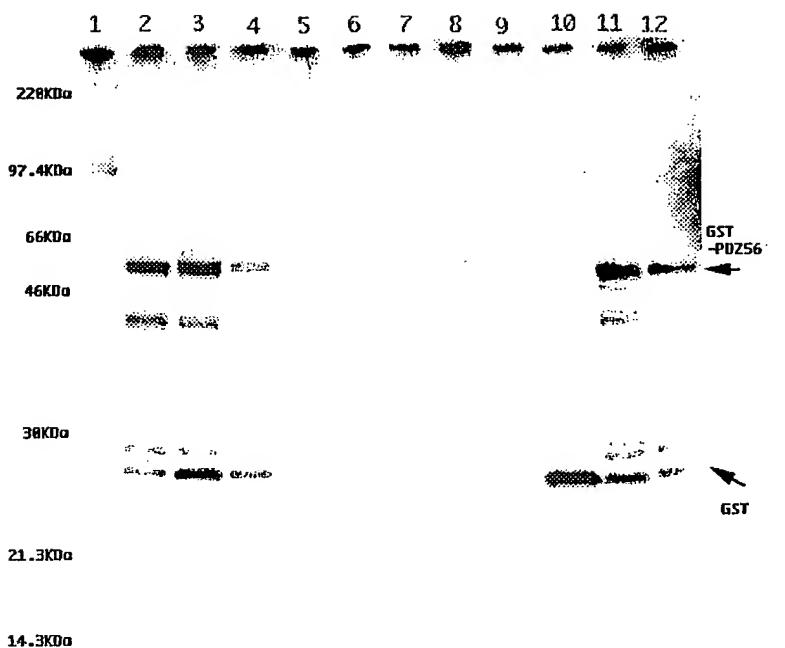
12 / 26

図 12



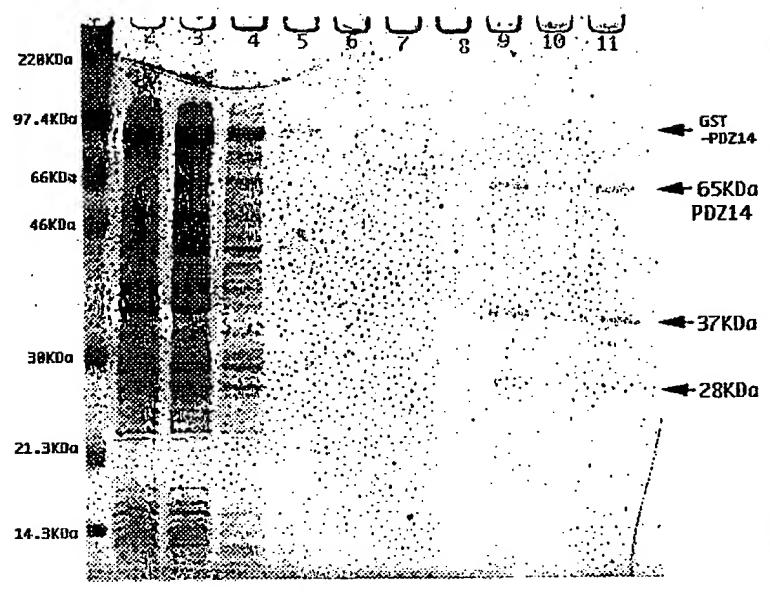
13 / 26

図13



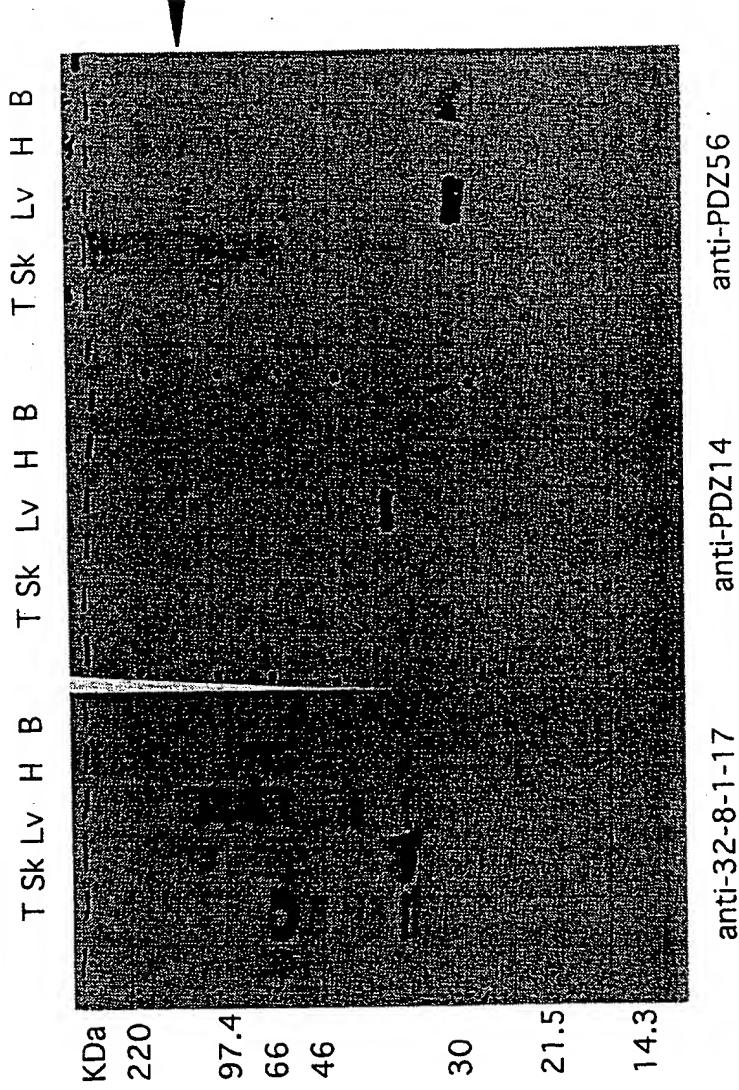
14 / 26

図 14



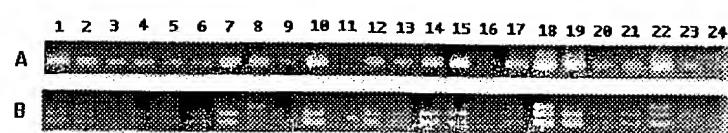
15 / 26

図 15



16 / 26

図 16



17 / 26

図 17

		400
1	TTCTCTGT GCTACCCAT TCACCTGAA AGCCCTCTCA GACCTCTCA FH750 TTCTCTGT GCTACCCAT TCAGCTGAA AGCCCTCTCA GACCTCTCA FH850 TTCTCTGT GCTACCCAT TCAGCTGAA AGCCCTCTCA GACCTCTCA FH950 TTCTCTGT GCTACCCAT TCACCTGAA AGCCCTCTCA GACCTCTCA	50
51	GAACAGCT CCCTGGCTC TAATGCTGAG ATGGTCTCTCA TCAAAATGT FH750 GAACAGCT CCCTGGCTC TAATGCTGAG ATGGTCTCTCA TCAAAATGT FH850 GAACAGCT CCCTGGCTC TAATGCTGAG ATGGTCTCTCA TCAAAATGT FH950 GAACAGCT CCCTGGCTC TAATGCTGAG ATGGTCTCTCA TCAAAATGT	100
101	ATCTAAGAA TCTTITGAA GGACTATTAA TATACCCTAA GGCATTCTCA FH750 ATCTAAGAA TCTTITGAA GGACTATTAA TATACCCTAA GGCATTCTCA FH850 ATCTAAGAA TCTTITGAA GGACTATTAA TATACCCTAA GGCATTCTCA FH950 ATCTAAGAA TCTTITGAA GGACTATTAA TATACCCTAA GGCATTCTCA	150
151	GCTTAGAAT GACAGTTAGT GCTTAATTAAG ATGGCTTGCG GTGATGTT FH750 GCTTAGAAT GACAGTTAGT GCTTAATTAAG ATGGCTTGCG GTGATGTT FH850 GCTTAGAAT GACAGTTAGT GCTTAATTAAG ATGGCTTGCG GTGATGTT FH950 GCTTAGAAT GACAGTTAGT GCTTAATTAAG ATGGCTTGCG GTGATGTT	200
201	CGAGGATTAA TTCTATGGG TECCATTAGT CGAGATGCC GGTTCCTCAT FH750 CGAGGATTAA TTCTATGGG TECCATTAGT CGAGATGCC GGTTCCTCAT FH850 CGAGGATTAA TTCTATGGG TECCATTAGT CGAGATGCC GGTTCCTCAT FH950 CGAGGATTAA TTCTATGGG TECCATTAGT CGAGATGCC GGTTCCTCAT	250
251	TCGGCACTGC ATCTTGTCGA TTATGAGA GTCATCCATC AGTGTACCA FH750 TCGGCACTGC ATCTTGTCGA TTATGAGA GTCATCCATC AGTGTACCA FH850 TCGGCACTGC ATCTTGTCGA TTATGAGA GTCATCCATC AGTGTACCA FH950 TCGGCACTGC ATCTTGTCGA TTATGAGA GTCATCCATC AGTGTACCA	300
301	ATGCCCAAGGC ACCAGCTATE TTGAGAGAC ATTCTCTCAT TGCCCTGAC FH750 ATGCCCAAGGC ACCAGCTATE TTGAGAGAC ATTCTCTCAT TGCCCTGAC FH850 ATGCCCAAGGC ACCAGCTATE TTGAGAGAC ATTCTCTCAT TGCCCTGAC FH950 ATGCCCAAGGC ACCAGCTATE TTGAGAGAC ATTCTCTCAT TGCCCTGAC	350
		351
	FH750 ATMAAATTA CTTATGTCGC TCCAGAACAT TTGAAAGGT TCAAATAG FH850 ATMAAATTA CTTATGTCGC TCCAGAACAT TTGAAAGGT TCAAATAG FH950 ATMAAATTA CTTATGTCGC TCCAGAACAT TTGAAAGGT TCAAATAG	450
	FH750 CTTGGACAA CAATCTGAA GACTATGCC ACTGATATT TTTCCTCAT FH850 CTTGGACAA CAATCTGAA GACTATGCC ACTGATATT TTTCCTCAT FH950 CTTGGACAA CAATCTGAA GACTATGCC ACTGATATT TTTCCTCAT	401
	FH750 AGCTGGAG AGACATTCCA GATTACCG AGCCAGAGA GCGAGAGGCT FH850 AGCTGGAG AGACATTCCA GATTACCG AGCCAGAGA GCGAGAGGCT FH950 AGCTGGAG AGACATTCCA GATTACCG AGCCAGAGA GCGAGAGGCT	500
	FH750 GAGAAGCC AACTCTAAA CACCCATAT AGCCATTGGA ATCACCCAG FH850 GAGAAGCC AACTCTAAA CACCCATAT AGCCATTGGA ATCACCCAG FH950 GAGAAGCC AACTCTAAA CACCCATAT AGCCATTGGA ATCACCCAG	451
	FH750 GAGAAGCC AACTCTAAA CACCCATAT AGCCATTGGA ATCACCCAG FH850 GAGAAGCC AACTCTAAA CACCCATAT AGCCATTGGA ATCACCCAG FH950 GAGAAGCC AACTCTAAA CACCCATAT AGCCATTGGA ATCACCCAG	501
	FH750 GAGAAGCC AACTCTAAA CACCCATAT AGCCATTGGA ATCACCCAG FH850 GAGAAGCC AACTCTAAA CACCCATAT AGCCATTGGA ATCACCCAG FH950 GAGAAGCC AACTCTAAA CACCCATAT AGCCATTGGA ATCACCCAG	550
	FH750 GCGGCTTCAA CTCTGGAGC AACCAAGAA ATCCATTGGC ATCAGCTTC FH850 GCGGCTTCAA CTCTGGAGC AACCAAGAA ATCCATTGGC ATCAGCTTC FH950 GCGGCTTCAA CTCTGGAGC AACCAAGAA ATCCATTGGC ATCAGCTTC	600
	FH750 TTGGTCAAGC AGGGATGCC ACTGGCTTA CCATTCGACA ACTGATGAGG FH850 TTGGTCAAGC AGGGATGCC ACTGGCTTA CCATTCGACA ACTGATGAGG FH950 TTGGTCAAGC AGGGATGCC ACTGGCTTA CCATTCGACA ACTGATGAGG	650
	FH750 GCGGTTTCA TCAACATGT TCTGAAAGAT AGTCACCTGC GCAAMATGC FH850 GCGGTTTCA TCAACATGT TCTGAAAGAT AGTCACCTGC GCAAMATGC FH950 GCGGTTTCA TCAACATGT TCTGAAAGAT AGTCACCTGC GCAAMATGC	700

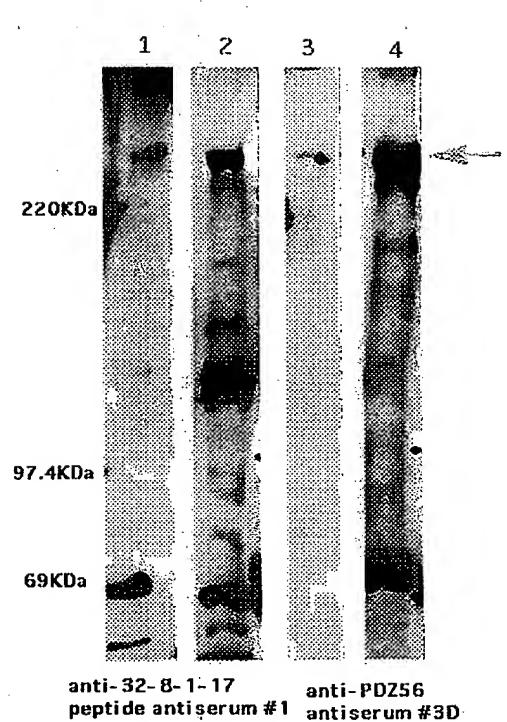
18 / 26

図18

	701	AACCTGAA CCTGAGATA GAACTGTAGA G	750
FH750	AACCTGAA CCTGAGATA GAACTGTAGA G	ATGGACCTCA	
FH850	AACCTGAA CCTGAGATA GAACTGTAGA G	ATGGACCTCA	
FH950	AACCTGAA CCTGAGATA GAACTGTAGA G	ATGGACCTCA	
	751		800
FH750			
FH850	GAGATCGAAG CCATGAAAC CCTCTGAAAG CCATTGGAA AGCAGGAAAC		
FH950	GAGATCGAAG CCATGAAAC CCTCTGAAAG CCATTGGAA AGCAGGAAAC		
	801		850
FH750			
FH850	CCTCTAGCT TTATGTTA GACCTTATT AGAGAACAG G		
FH950	CCTCTAGCT TTATGTTA GACCTTATT AGAGAACCA GGAAATCCC		
	851		900
FH750			
FH850			
FH950	TTCGCCCTCC TTCTGCAC ACCTTACCC TAAGTACAAC TTCCACCA		
	901		950
FH750			GCACCCAGT
FH850			GCACCCAGT
FH950	CTAACCCATT TTCTGACTCT CTACAAATCA ACCCCGACAA GCACCCAGT		
	951	965	
FH750	CACTGAGCT CAGAG		
FH850	CACTGAGCT CAGAG		
FH950	CACTGAGCT CAGAG		

19 / 26

図 19



20 / 26

図20

21 / 26

图 21

2018 TTFAKGAASEDGRKLRKGQQTIAVNGSLEGVTHEAAVLLRKTGTVLN 2067
 ||||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
 401 TTFAKGAASEDGRKLRKGQQTIAVNGSLEGVTHEAAVLLRKTGTVLN 450

1618 ATCPPIPECETIEISKGRCGLCSTGCSDTLJCAPITHEVEEACK 1667
 ||||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
 1 ATCPPIPECETIEISKGRCGLCSTGCSDTLJCAPITHEVEEACK 50
 |||||
 401 ATCPPIPECETIEISKGRCGLCSTGCSDTLJCAPITHEVEEACK 50

1668 DGRWAGDQILEVNGIDDEATHDEAVNLRTPRLTYDEAPRKS 1717
 ||||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
 51 DGRWAGDQILEVNGIDDEATHDEAVNLRTPRLTYDEAPRKS 100
 |||||
 451 DGRWAGDQILEVNGIDDEATHDEAVNLRTPRLTYDEAPRKS 100

101 EVCDLTIELKRPCKGLCSTGCSYGRNDGKFSPDVKCGJADPDRLL 1767
 ||||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
 151 EVCDLTIELKRPCKGLCSTGCSYGRNDGKFSPDVKCGJADPDRLL 150
 |||||
 201 EVCDLTIELKRPCKGLCSTGCSYGRNDGKFSPDVKCGJADPDRLL 150

1768 QEQQILVNGEDVNASEAVNLKSLGTYLEVRIKAGPFRSRP 1817
 ||||| : ||||| ||||| . ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
 151 QEQQILVNGEDVNASEAVNLKSLGTYLEVRIKAGPFRSRP 200
 |||||
 201 QEQQILVNGEDVNASEAVNLKSLGTYLEVRIKAGPFRSRP 200

1818 SQTSSQSEGSSFTPLSGSSSESLESSKRMLASESQCLRTYERKK 1867
 ||. ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
 201 SQTSSQSEGSSFTPLSGSSSESLESSKRMLASESQCLRTYERKK 250
 |||||
 251 GPTDSLGTSIAAGVGSPLQDVFIAAGVPTVMAAQTQKLVRGDRIVTC 300
 |||||
 1918 GTSTEGMTHTRAVNLJNNSCSTERVVAGDVSVTGEQFESSLSF 1967
 ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
 301 GTSTEGMTHTRAVNLJNNSCSTERVVAGDVSVTGEQFESSLSF 350
 |||||
 1968 TGTTSLSIPRQDGLPCKSITLERGPOLGSFIVGGYGSFADLPYKK 2017
 ||||| . ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
 351 TGTTSLSIPRQDGLPCKSITLERGPOLGSFIVGGYGSFADLPYKK 400

22 / 26

図22

23 / 26

☒ 23

24 / 26

图 24

25 / 26

図 25

1

50

PDZ-A RHVEVFELLK . PPSGGLGFS VVGLRS. ENRGEL. GI FVQEIQEGSV
 PDZ-B QHMETIEL. V . NDGSGLGFG IIGGK. ATGV IVKTILPGGV
 PDZ-C SETFDVELTK . N. VQGLGIT IAGYIG. DKKLEPSGI FVKSITKSSA
 PDZ-D YEIVVAHVSK FSENSGLGIS LEATVGHH. FIRSVLPEGP
 PDZ-E AGIQHIMLEK . G. SKGLGFS ILDYQD. PIDPASTVI IIRSLVPGGI
 PDZ-F SFERTINIAK . G. NSSLGMT VSANKDGL. GM IVRSIIHGGA
 PDZ-G NQPRRVELWR . EPSKSLGIS IVGGRGMGSR LSNGEVMRGF FIKHVLEDRP
 PDZ-H GELHMIELEK . G. HSGLGLS LAG. NKDRSRMSV FIVGIDPNGA
 PDZ-I KNVQHLELPK . D. QGGLGIA IS. EEDTLSGV IIKSLTEHGV
 PDZ-J GCETTIEISK . G. RTGLGLS IVG. GSDTLLGAF IIHEVYEEGA
 PDZ-K CDTLTIELQK . KPGKGLGLS IVGKRN. DTGV FVSDIVKGFI
 PDZ-L QGLRTVEMKK . GPTDSLGIS IAGGVG. SPLGDV.PI FIAMMHPTGV
 PDZ-M PQCKSITLER . GP.DGLGFS IVGGYG. SPHGDL.PI YVKTVFAKGA

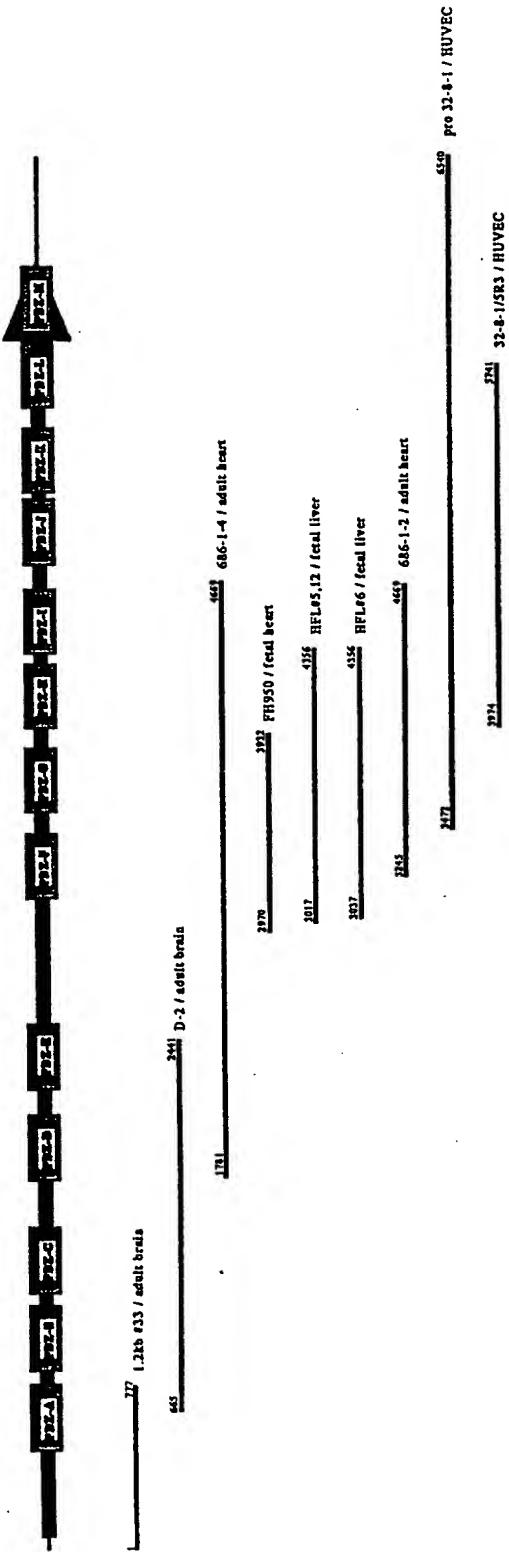
51

97

PDZ-A AHRDGRLKET DQILAINGQA LDQTITHQQA ISILQKAKDT VQLVIAR
 PDZ-B ADQHGRLCSG DHILKICDTD LA. GMSSEQV AQVLRQCGNR VKLMIAR
 PDZ-C VEHDGRIQIG DQIIAVDGTN L. QGFTNQQA VEVLRHTGQT VLLTLMR
 PDZ-D VGHSGKLFSG DELLEVNGIT LL. GENHQDV VNILKELPIE VTMVCCR
 PDZ-E AEKDGRLLPG DRIMFVNVDN L. ENSSLEEA VEALKGAPSG TVRIGVA
 PDZ-F ISRDGRIAIG DCILSINEES TI. SVTNAQA RAMLRRHSLI GDPKIT
 PDZ-G AGKNGTLKPG DRIVEVDGMD LRD. ASHEQA VEAIRKAGNP VVFMVQS
 PDZ-H AGKDGRQLQIA DELLEINGQI L. YGRSHQNA SSIIKCAPSK VKIIFIR
 PDZ-I AATDGRLKVG DQILAVDDEI V. VGYPIEKF ISLLKTAKMT VKLTIHA
 PDZ-J ACKDGRLWAG DQILEVNGID L. RKATHDEA INVLRQTPQR VRFLTLYR
 PDZ-K ADPDGRLIQQ DQILLVNGED VR. NASQEAV AALLKCSLGT VTLEVGR
 PDZ-L AAQTQKLRVG DRIVTICGTS T. EGMTHTQA VNLLKNASGS IEMQVVA
 PDZ-M ASEDGRLKRG DQIIAVNGQS L. EGVTHEEA VAILKRTKGT VTLMVLS

26 / 26

図26



配列表

SEQUENCE LISTING

株式会社 中外分子医学研究所
<110> CHUGAI RESEARCH INSTITUTE FOR MOLECULAR MEDICINE, INC.

<120> PDZドメイン配列を有するタンパク質
Protein with PDZ domain.

<130> C2-905DP1PCT

<140>

<141>

<150> JP 09-230356

JP 10-189944

<151> 1997-8-12

1998-6-19

<160> 87

<170> PatentIn version 2.0

<210> 1

<211> 1373

<212> PRT

<213> Homo sapience

<400> 1

Met Val

Cys Cys Arg Arg Thr Val Pro Pro Thr Thr Gln Ser Glu Leu Asp Ser
5 10 15
Leu Asp Leu Cys Asp Ile Glu Leu Thr Glu Lys Pro His Val Asp Leu
20 25 30
Gly Glu Phe Ile Gly Ser Ser Glu Thr Glu Asp Pro Val Leu Ala Met
35 40 45 50
Thr Asp Ala Gly Gln Ser Thr Glu Glu Val Gln Ala Pro Leu Ala Met
55 60 65
Trp Glu Ala Gly Ile Gln His Ile Glu Leu Glu Lys Gly Ser Lys Gly
70 75 80
Leu Gly Phe Ser Ile Leu Asp Tyr Gln Asp Pro Ile Asp Pro Ala Ser
85 90 95
Thr Val Ile Ile Ile Arg Ser Leu Val Pro Gly Gly Ile Ala Glu Lys
100 105 110
Asp Gly Arg Leu Leu Pro Gly Asp Arg Leu Met Phe Val Asn Asp Val
115 120 125 130
Asn Leu Glu Asn Ser Ser Leu Glu Glu Ala Val Glu Ala Leu Lys Gly
135 140 145
Ala Pro Ser Gly Thr Val Arg Ile Gly Val Ala Lys Pro Leu Pro Leu
150 155 160
Ser Pro Glu Glu Gly Tyr Val Ser Ala Lys Glu Asp Ser Phe Leu Tyr
165 170 175
Pro Pro His Ser Cys Glu Glu Ala Gly Leu Ala Asp Lys Pro Leu Phe
180 185 190
Arg Ala Asp Leu Ala Leu Val Gly Thr Asn Asp Ala Asp Leu Val Asp
195 200 205 210
Glu Ser Thr Phe Glu Ser Pro Tyr Ser Pro Glu Asn Asp Ser Ile Tyr
215 220 225

Ser Thr Gln Ala Ser Ile Leu Ser Leu His Gly Ser Ser Cys Gly Asp
230 235 240
Gly Leu Asn Tyr Gly Ser Ser Leu Pro Ser Ser Pro Pro Lys Asp Val
245 250 255
Ile Glu Asn Ser Cys Asp Pro Val Leu Asp Leu His Met Ser Leu Glu
260 265 270
Glu Leu Tyr Thr Gln Asn Leu Leu Glu Arg Gln Asp Glu Asn Thr Pro
275 280 285 290
Ser Val Asp Ile Ser Met Gly Pro Ala Ser Gly Phe Thr Ile Asn Asp
295 300 305
Tyr Thr Pro Ala Asn Ala Ile Glu Gln Gln Tyr Glu Cys Glu Asn Thr
310 315 320
Ile Val Trp Thr Glu Ser His Leu Pro Ser Glu Val Ile Ser Ser Ala
325 330 335
Glu Leu Pro Ser Val Leu Pro Asp Ser Ala Gly Lys Gly Ser Glu His
340 345 350
Leu Leu Glu Gln Ser Ser Leu Ala Cys Asn Ala Glu Cys Val Met Leu
355 360 365 370
Gln Asn Val Ser Lys Glu Ser Phe Glu Arg Thr Ile Asn Ile Ala Lys
375 380 385
Gly Asn Ser Ser Leu Gly Met Thr Val Ser Ala Asn Lys Asp Gly Leu
390 395 400
Gly Met Ile Val Arg Ser Ile Ile His Gly Gly Ala Ile Ser Arg Asp
405 410 415
Gly Arg Ile Ala Ile Gly Asp Cys Ile Leu Ser Ile Asn Glu Glu Ser
420 425 430
Thr Ile Ser Val Thr Asn Ala Gln Ala Arg Ala Met Leu Arg Arg His
435 440 445 450

Ser Leu Ile Gly Pro Asp Ile Lys Ile Thr Tyr Val Pro Ala Glu His
455 460 465
Leu Glu Glu Phe Lys Ile Ser Leu Gly Gln Gln Ser Gly Arg Val Met
470 475 480
Ala Leu Asp Ile Phe Ser Ser Tyr Thr Gly Arg Asp Ile Pro Glu Leu
485 490 495
Pro Glu Arg Glu Glu Gly Glu Glu Ser Glu Leu Gln Asn Thr
500 505 510
Ala Tyr Ser Asn Trp Asn Gln Pro Arg Arg Val Glu Leu Trp Arg Glu
515 520 525 530
Pro Ser Lys Ser Leu Gly Ile Ser Ile Val Gly Gly Arg Gly Met Gly
535 540 545
Ser Arg Leu Ser Asn Gly Glu Val Met Arg Gly Ile Phe Ile Lys His
550 555 560
Val Leu Glu Asp Ser Pro Ala Gly Lys Asn Gly Thr Leu Lys Pro Gly
565 570 575
Asp Arg Ile Val Glu Ala Pro Ser Gln Ser Glu Ser Glu Pro Glu Lys
580 585 590
Ala Pro Leu Cys Ser Val Pro Pro Pro Pro Ser Ala Phe Ala Glu
595 600 605 610
Met Gly Ser Asp His Thr Gln Ser Ser Ala Ser Lys Ile Ser Gln Asp
615 620 625
Val Asp Lys Glu Asp Glu Phe Gly Tyr Ser Trp Lys Asn Ile Arg Glu
630 635 640
Arg Tyr Gly Thr Leu Thr Gly Glu Leu His Met Ile Glu Leu Glu Lys
645 650 655
Gly His Ser Gly Leu Gly Leu Ser Leu Ala Gly Asn Lys Asp Arg Ser
660 665 670

Arg Met Ser Val Phe Ile Val Gly Ile Asp Pro Asn Gly Ala Ala Gly
675 680 685 690
Lys Asp Gly Arg Leu Gln Ile Ala Asp Glu Leu Leu Glu Ile Asn Gly
695 700 705
Gln Ile Leu Tyr Gly Arg Ser His Gln Asn Ala Ser Ser Ile Ile Lys
710 715 720
Cys Ala Pro Ser Lys Val Lys Ile Ile Phe Ile Arg Asn Lys Asp Ala
725 730 735
Val Asn Gln Met Ala Val Cys Pro Gly Asn Ala Val Glu Pro Leu Pro
740 745 750
Ser Asn Ser Glu Asn Leu Gln Asn Lys Glu Thr Glu Pro Thr Val Thr
755 760 765 770
Thr Ser Asp Ala Ala Val Asp Leu Ser Ser Phe Lys Asn Val Gln His
775 780 785
Leu Glu Leu Pro Lys Asp Gln Gly Leu Gly Ile Ala Ile Ser Glu
790 795 800
Glu Asp Thr Leu Ser Gly Val Ile Ile Lys Ser Leu Thr Glu His Gly
805 810 815
Val Ala Ala Thr Asp Gly Arg Leu Lys Val Gly Asp Gln Ile Leu Ala
820 825 830
Val Asp Asp Glu Ile Val Val Gly Tyr Pro Ile Glu Lys Phe Ile Ser
835 840 845 850
Leu Leu Lys Thr Ala Lys Met Thr Val Lys Leu Thr Ile His Ala Glu
855 860 865
Asn Pro Asp Ser Gln Ala Val Pro Ser Ala Ala Gly Ala Ala Ser Gly
870 875 880
Glu Lys Lys Asn Ser Ser Gln Ser Leu Met Val Pro Gln Ser Gly Ser
885 890 895

Pro Glu Pro Glu Ser Ile Arg Asn Thr Ser Arg Ser Ser Thr Pro Ala
900 905 910
Ile Phe Ala Ser Asp Pro Ala Thr Cys Pro Ile Ile Pro Gly Cys Glu
915 920 925 930
Thr Thr Ile Glu Ile Ser Lys Gly Arg Thr Gly Leu Gly Leu Ser Ile
935 940 945
Val Gly Gly Ser Asp Thr Leu Leu Gly Ala Phe Ile Ile His Glu Val
950 955 960
Tyr Glu Glu Gly Ala Ala Cys Lys Asp Gly Arg Leu Trp Ala Gly Asp
965 970 975
Gln Ile Leu Glu Val Asn Gly Ile Asp Leu Arg Lys Ala Thr His Asp
980 985 990
Glu Ala Ile Asn Val Leu Arg Gln Thr Pro Gln Arg Val Arg Leu Thr
995 1000 1005 1010
Leu Tyr Arg Asp Glu Ala Pro Tyr Lys Glu Glu Glu Val Cys Asp Thr
1015 1020 1025
Leu Thr Ile Glu Leu Gln Lys Lys Pro Gly Lys Gly Leu Gly Leu Ser
1030 1035 1040
Ile Val Gly Lys Arg Asn Asp Thr Gly Val Phe Val Ser Asp Ile Val
1045 1050 1055
Lys Gly Gly Ile Ala Asp Pro Asp Gly Arg Leu Ile Gln Gly Asp Gln
1060 1065 1070
Ile Leu Leu Val Asn Gly Glu Asp Val Arg Asn Ala Ser Gln Glu Ala
1075 1080 1085 1090
Val Ala Ala Leu Leu Lys Cys Ser Leu Gly Thr Val Thr Leu Glu Val
1095 1100 1105
Gly Arg Ile Lys Ala Gly Pro Phe His Ser Glu Arg Arg Pro Ser Gln
1110 1115 1120

Thr Ser Gln Val Ser Glu Gly Ser Leu Ser Ser Phe Thr Phe Pro Leu
1125 1130 1135

Ser Gly Ser Ser Thr Ser Glu Ser Leu Glu Ser Ser Lys Lys Asn
1140 1145 1150

Ala Leu Ala Ser Glu Ile Gln Gly Leu Arg Thr Val Glu Met Lys Lys
1155 1160 1165 1170

Gly Pro Thr Asp Ser Leu Gly Ile Ser Ile Ala Gly Gly Val Gly Ser
1175 1180 1185

Pro Leu Gly Asp Val Pro Ile Phe Ile Ala Met Met His Pro Thr Gly
1190 1195 1200

Val Ala Ala Gln Thr Gln Lys Leu Arg Val Gly Asp Arg Ile Val Thr
1205 1210 1215

Ile Cys Gly Thr Ser Thr Glu Gly Met Thr His Thr Gln Ala Val Asn
1220 1225 1230

Leu Leu Lys Asn Ala Ser Gly Ser Ile Glu Met Gln Val Val Ala Gly
1235 1240 1245 1250

Gly Asp Val Ser Val Val Thr Gly His His Gln Glu Pro Ala Ser Ser
1255 1260 1265

Ser Leu Ser Phe Thr Gly Leu Thr Ser Thr Ser Ile Phe Gln Asp Asp
1270 1275 1280

Leu Gly Pro Pro Gln Cys Lys Ser Ile Thr Leu Glu Arg Gly Pro Asp
1285 1290 1295

Gly Leu Gly Phe Ser Ile Val Gly Gly Tyr Gly Ser Pro His Gly Asp
1300 1305 1310

Leu Pro Ile Tyr Val Lys Thr Val Phe Ala Lys Gly Ala Ala Ser Glu
1315 1320 1325 1330

Asp Gly Arg Leu Lys Arg Gly Asp Gln Ile Ile Ala Val Asn Gly Gln
1335 1340 1345

Ser Leu Glu Gly Val Thr His Glu Glu Ala Val Ala Ile Leu Lys Arg

1350

1355

1360

Thr Lys Gly Thr Val Thr Leu Met Val Leu Ser

1365

1370

<210> 2

<211> 1005

<212> PRT

<213> Homo sapience

<400> 2

Met Leu Gln Asn Val Ser Lys Glu Ser Phe Glu Arg Thr Ile Asn Ile

1

5

10

15

Ala Lys Gly Asn Ser Ser Leu Gly Met Thr Val Ser Ala Asn Lys Asp

20

25

30

Gly Leu Gly Met Ile Val Arg Ser Ile Ile His Gly Gly Ala Ile Ser

35

40

45

Arg Asp Gly Arg Ile Ala Ile Gly Asp Cys Ile Leu Ser Ile Asn Glu

50

55

60

Glu Ser Thr Ile Ser Val Thr Asn Ala Gln Ala Arg Ala Met Leu Arg

65

70

75

80

Arg His Ser Leu Ile Gly Pro Asp Ile Lys Ile Thr Tyr Val Pro Ala

85

90

95

Glu His Leu Glu Glu Phe Lys Ile Ser Leu Gly Gln Gln Ser Gly Arg

100

105

110

Val Met Ala Leu Asp Ile Phe Ser Ser Tyr Thr Gly Arg Asp Ile Pro

115

120

125

Glu Leu Pro Glu Arg Glu Glu Gly Glu Glu Ser Glu Leu Gln

130 135 140
Asn Thr Ala Tyr Ser Asn Trp Asn Gln Pro Arg Arg Val Glu Leu Trp
145 150 155 160
Arg Glu Pro Ser Lys Ser Leu Gly Ile Ser Ile Val Gly Gly Arg Gly
165 170 175
Met Gly Ser Arg Leu Ser Asn Gly Glu Val Met Arg Gly Ile Phe Ile
180 185 190
Lys His Val Leu Glu Asp Ser Pro Ala Gly Lys Asn Gly Thr Leu Lys
195 200 205
Pro Gly Asp Arg Ile Val Glu Ala Pro Ser Gln Ser Glu Ser Glu Pro
210 215 220
Glu Lys Ala Pro Leu Cys Ser Val Pro Pro Pro Pro Ser Ala Phe
225 230 235 240
Ala Glu Met Gly Ser Asp His Thr Gln Ser Ser Ala Ser Lys Ile Ser
245 250 255
Gln Asp Val Asp Lys Glu Asp Glu Phe Gly Tyr Ser Trp Lys Asn Ile
260 265 270
Arg Glu Arg Tyr Gly Thr Leu Thr Gly Glu Leu His Met Ile Glu Leu
275 280 285
Glu Lys Gly His Ser Gly Leu Gly Leu Ser Leu Ala Gly Asn Lys Asp
290 295 300
Arg Ser Arg Met Ser Val Phe Ile Val Gly Ile Asp Pro Asn Gly Ala
305 310 315 320
Ala Gly Lys Asp Gly Arg Leu Gln Ile Ala Asp Glu Leu Leu Glu Ile
325 330 335
Asn Gly Gln Ile Leu Tyr Gly Arg Ser His Gln Asn Ala Ser Ser Ile
340 345 350
Ile Lys Cys Ala Pro Ser Lys Val Lys Ile Ile Phe Ile Arg Asn Lys

355 360 365
Asp Ala Val Asn Gln Met Ala Val Cys Pro Gly Asn Ala Val Glu Pro
370 375 380
Leu Pro Ser Asn Ser Glu Asn Leu Gln Asn Lys Glu Thr Glu Pro Thr
385 390 395 400
Val Thr Thr Ser Asp Ala Ala Val Asp Leu Ser Ser Phe Lys Asn Val
405 410 415
Gln His Leu Glu Leu Pro Lys Asp Gln Gly Gly Leu Gly Ile Ala Ile
420 425 430
Ser Glu Glu Asp Thr Leu Ser Gly Val Ile Ile Lys Ser Leu Thr Glu
435 440 445
His Gly Val Ala Ala Thr Asp Gly Arg Leu Lys Val Gly Asp Gln Ile
450 455 460
Leu Ala Val Asp Asp Glu Ile Val Val Gly Tyr Pro Ile Glu Lys Phe
465 470 475 480
Ile Ser Leu Leu Lys Thr Ala Lys Met Thr Val Lys Leu Thr Ile His
485 490 495
Ala Glu Asn Pro Asp Ser Gln Ala Val Pro Ser Ala Ala Gly Ala Ala
500 505 510
Ser Gly Glu Lys Lys Asn Ser Ser Gln Ser Leu Met Val Pro Gln Ser
515 520 525
Gly Ser Pro Glu Pro Glu Ser Ile Arg Asn Thr Ser Arg Ser Ser Thr
530 535 540
Pro Ala Ile Phe Ala Ser Asp Pro Ala Thr Cys Pro Ile Ile Pro Gly
545 550 555 560
Cys Glu Thr Thr Ile Glu Ile Ser Lys Gly Arg Thr Gly Leu Gly Leu
565 570 575
Ser Ile Val Gly Gly Ser Asp Thr Leu Leu Gly Ala Phe Ile Ile His

580 585 590
Glu Val Tyr Glu Glu Gly Ala Ala Cys Lys Asp Gly Arg Leu Trp Ala
595 600 605
Gly Asp Gln Ile Leu Glu Val Asn Gly Ile Asp Leu Arg Lys Ala Thr
610 615 620
His Asp Glu Ala Ile Asn Val Leu Arg Gln Thr Pro Gln Arg Val Arg
625 630 635 640
Leu Thr Leu Tyr Arg Asp Glu Ala Pro Tyr Lys Glu Glu Val Cys
645 650 655
Asp Thr Leu Thr Ile Glu Leu Gln Lys Lys Pro Gly Lys Gly Leu Gly
660 665 670
Leu Ser Ile Val Gly Lys Arg Asn Asp Thr Gly Val Phe Val Ser Asp
675 680 685
Ile Val Lys Gly Gly Ile Ala Asp Pro Asp Gly Arg Leu Ile Gln Gly
690 695 700
Asp Gln Ile Leu Leu Val Asn Gly Glu Asp Val Arg Asn Ala Ser Gln
705 710 715 720
Glu Ala Val Ala Ala Leu Leu Lys Cys Ser Leu Gly Thr Val Thr Leu
725 730 735
Glu Val Gly Arg Ile Lys Ala Gly Pro Phe His Ser Glu Arg Arg Pro
740 745 750
Ser Gln Thr Ser Gln Val Ser Glu Gly Ser Leu Ser Ser Phe Thr Phe
755 760 765
Pro Leu Ser Gly Ser Ser Thr Ser Glu Ser Leu Glu Ser Ser Ser Lys
770 775 780
Lys Asn Ala Leu Ala Ser Glu Ile Gln Gly Leu Arg Thr Val Glu Met
785 790 795 800
Lys Lys Gly Pro Thr Asp Ser Leu Gly Ile Ser Ile Ala Gly Gly Val

805 810 815
Gly Ser Pro Leu Gly Asp Val Pro Ile Phe Ile Ala Met Met His Pro
820 825 830
Thr Gly Val Ala Ala Gln Thr Gln Lys Leu Arg Val Gly Asp Arg Ile
835 840 845
Val Thr Ile Cys Gly Thr Ser Thr Glu Gly Met Thr His Thr Gln Ala
850 855 860
Val Asn Leu Leu Lys Asn Ala Ser Gly Ser Ile Glu Met Gln Val Val
865 870 875 880
Ala Gly Gly Asp Val Ser Val Val Thr Gly His His Gln Glu Pro Ala
885 890 895
Ser Ser Ser Leu Ser Phe Thr Gly Leu Thr Ser Thr Ser Ile Phe Gln
900 905 910
Asp Asp Leu Gly Pro Pro Gln Cys Lys Ser Ile Thr Leu Glu Arg Gly
915 920 925
Pro Asp Gly Leu Gly Phe Ser Ile Val Gly Gly Tyr Gly Ser Pro His
930 935 940
Gly Asp Leu Pro Ile Tyr Val Lys Thr Val Phe Ala Lys Gly Ala Ala
945 950 955 960
Ser Glu Asp Gly Arg Leu Lys Arg Gly Asp Gln Ile Ile Ala Val Asn
965 970 975
Gly Gln Ser Leu Glu Gly Val Thr His Glu Glu Ala Val Ala Ile Leu
980 985 990
Lys Arg Thr Lys Gly Thr Val Thr Leu Met Val Leu Ser
995 1000 1005

<210> 3

<211> 4880

<212> DNA

<213> Homo sapience

<220>

<221> CDS

<222> (292)...(4410)

<400> 3

cccgccccgg ggcgacagtggacatcattttatccgatctgttctacca gagggtcctg 60

ttggacacag cgggaagcttcagttggag acgagctattggaaaataagtaacgcattc 120

agatgtttaaaatcacagag aatacaaaga taaagaatgg aaaagggtctccctctgtc 180

ccaattcatc cagttctcat cacccttcat taggtaaatgcataactttacttgggaa 240

aatcaccaag atgtggtaaatcttaaaa gaactgccta tagaagtgac aatgtgt 297

Met Val

1

tgc tgt cgt cga act gtg cca ccc acc acc caa tca gaa ttg gat agc 345

Cys Cys Arg Arg Thr Val Pro Pro Thr Thr Gln Ser Glu Leu Asp Ser

5

10

15

ctg gac tta tgt gat att gag cta aca gaa aag cct cac gta gat cta 393

Leu Asp Leu Cys Asp Ile Glu Leu Thr Glu Lys Pro His Val Asp Leu

20

25

30

ggt gag ttc atc ggg tca tca gag aca gag gat cca gtg ctg gcg atg 441
Gly Glu Phe Ile Gly Ser Ser Glu Thr Glu Asp Pro Val Leu Ala Met
35 40 45 50

act gat gcg ggt cag agt aca gaa gag gtt caa gca cct ttg gcc atg 489
Thr Asp Ala Gly Gln Ser Thr Glu Glu Val Gln Ala Pro Leu Ala Met
55 60 65

tgg gag gct ggc att cag cac ata gag ctg gag aaa ggg agc aaa gga 537
Trp Glu Ala Gly Ile Gln His Ile Glu Leu Glu Lys Gly Ser Lys Gly
70 75 80

ctt ggt ttt agc att tta gat tat cag gat cca att gat cca gca agc 585
Leu Gly Phe Ser Ile Leu Asp Tyr Gln Asp Pro Ile Asp Pro Ala Ser
85 90 95

act gtg att ata att cgt tct ttg gtg cct ggc ggc att gct gaa aag 633
Thr Val Ile Ile Ile Arg Ser Leu Val Pro Gly Gly Ile Ala Glu Lys
100 105 110

gat gga cga ctt ctt cct ggt gac cga ctc atg ttt gta aac gat gtt 681
Asp Gly Arg Leu Leu Pro Gly Asp Arg Leu Met Phe Val Asn Asp Val
115 120 125 130

aac ttg gaa aac agc agt ctt gag gaa gct gta gaa gca ctg aag gga 729
Asn Leu Glu Asn Ser Ser Leu Glu Glu Ala Val Glu Ala Leu Lys Gly
135 140 145

gca ccg tca ggg act gtg aga ata gga gtt gct aag cct tta ccc ctt 777
Ala Pro Ser Gly Thr Val Arg Ile Gly Val Ala Lys Pro Leu Pro Leu

150 155 160

tca cca gaa gaa ggt tat gtt tct gct aag gag gat tcc ttt ctc tac 825
Ser Pro Glu Glu Gly Tyr Val Ser Ala Lys Glu Asp Ser Phe Leu Tyr

165 170 175

cca cca cac tcc tgt gag gaa gca ggg ctg gct gac aaa ccc ctc ttc 873
Pro Pro His Ser Cys Glu Glu Ala Gly Leu Ala Asp Lys Pro Leu Phe

180 185 190

agg gct gac ttg gct ctg gtg ggc aca aat gat gct gac tta gta gat 921
Arg Ala Asp Leu Ala Leu Val Gly Thr Asn Asp Ala Asp Leu Val Asp
195 200 205 210

gaa tcc aca ttt gag tct cca tac tct cct gaa aat gac agc atc tac 969
Glu Ser Thr Phe Glu Ser Pro Tyr Ser Pro Glu Asn Asp Ser Ile Tyr

215 220 225

tct act caa gcc tct att tta tct ctt cat ggc agt tct tgt ggt gat 1017
Ser Thr Gln Ala Ser Ile Leu Ser Leu His Gly Ser Ser Cys Gly Asp
230 235 240

ggc ctg aac tat ggt tct tcc ctt cca tca tct cct cct aag gat gtt 1065
Gly Leu Asn Tyr Gly Ser Ser Leu Pro Ser Ser Pro Pro Lys Asp Val
245 250 255

att gaa aat tct tgt gat cca gta ctt gat ctg cat atg tct ctg gag 1113
Ile Glu Asn Ser Cys Asp Pro Val Leu Asp Leu His Met Ser Leu Glu

260 265 270

gaa cta tat acc cag aat ctc ctg gaa aga cag gat gag aat aca cct 1161
Glu Leu Tyr Thr Gln Asn Leu Leu Glu Arg Gln Asp Glu Asn Thr Pro
275 280 285 290

tcg gtg gac ata agt atg ggg cct gct tct ggc ttt act ata aat gac 1209
Ser Val Asp Ile Ser Met Gly Pro Ala Ser Gly Phe Thr Ile Asn Asp
295 300 305

tac aca cct gca aat gct att gaa caa caa tat gaa tgt gaa aac aca 1257
Tyr Thr Pro Ala Asn Ala Ile Glu Gln Gln Tyr Glu Cys Glu Asn Thr
310 315 320

ata gtg tgg act gaa tct cat tta cca agt gaa gtt ata tca agt gca 1305
Ile Val Trp Thr Glu Ser His Leu Pro Ser Glu Val Ile Ser Ser Ala
325 330 335

gaa ctt cct tct gtg cta ccc gat tca gct gga aag ggc tct gag cac 1353
Glu Leu Pro Ser Val Leu Pro Asp Ser Ala Gly Lys Gly Ser Glu His
340 345 350

ctg ctt gaa cag agc tcc ctg gcc tgt aat gct gag gag tgt gtc atg ctt 1401
Leu Leu Glu Gln Ser Ser Leu Ala Cys Asn Ala Glu Cys Val Met Leu
355 360 365 370

17 /160

caa aat gta tct aaa gaa tct ttt gaa agg act att aat ata gca aaa 1449
Gln Asn Val Ser Lys Glu Ser Phe Glu Arg Thr Ile Asn Ile Ala Lys

375 380 385

ggc aat tct agc cta gga atg aca gtt agt gct aat aaa gat ggc ttg 1497
Gly Asn Ser Ser Leu Gly Met Thr Val Ser Ala Asn Lys Asp Gly Leu

390 395 400

ggg atg atc gtt cga agc att att cat gga ggt gcc att agt cga gat 1545
Gly Met Ile Val Arg Ser Ile Ile His Gly Gly Ala Ile Ser Arg Asp

405 410 415

ggc cggttattgccattggg gac tgc atc ttg tcc att aat gaa gag tct 1593
Gly Arg Ile Ala Ile Gly Asp Cys Ile Leu Ser Ile Asn Glu Glu Ser

420 425 430

acc atc agt gta acc aat gcc cag gca cga gct atg ttg aga aga cat 1641
Thr Ile Ser Val Thr Asn Ala Gln Ala Arg Ala Met Leu Arg Arg His
435 440 445 450

tct ctc att ggc cct gac ata aaa att act tat gtg cct gca gaa cat 1689
Ser Leu Ile Gly Pro Asp Ile Lys Ile Thr Tyr Val Pro Ala Glu His

455 460 465

ttg gaa gag ttc aaa ata agc ttg gga caa caa tct gga aga gta atg 1737
Leu Glu Glu Phe Lys Ile Ser Leu Gly Gln Gln Ser Gly Arg Val Met

470 475 480

gca ctg gat att ttt tct tca tac act ggc aga gac att cca gaa tta 1785
Ala Leu Asp Ile Phe Ser Ser Tyr Thr Gly Arg Asp Ile Pro Glu Leu
485 490 495

cca gag cga gaa gag gga gag ggt gaa gaa agc gaa ctt caa aac aca 1833
Pro Glu Arg Glu Glu Gly Glu Glu Ser Glu Leu Gln Asn Thr
500 505 510

gca tat agc aat tgg aat cag ccc agg cgg gtg gaa ctc tgg aga gaa 1881
Ala Tyr Ser Asn Trp Asn Gln Pro Arg Arg Val Glu Leu Trp Arg Glu
515 520 525 530

cca agc aaa tcc tta ggc atc agc att gtt ggt gga cga ggg atg ggg 1929
Pro Ser Lys Ser Leu Gly Ile Ser Ile Val Gly Gly Arg Gly Met Gly
535 540 545

agt cgg cta agc aat gga gaa gtg atg agg ggc att ttc atc aaa cat 1977
Ser Arg Leu Ser Asn Gly Glu Val Met Arg Gly Ile Phe Ile Lys His
550 555 560

gtt ctg gaa gat agt cca gct ggc aaa aat gga acc ttg aaa cct gga 2025
Val Leu Glu Asp Ser Pro Ala Gly Lys Asn Gly Thr Leu Lys Pro Gly
565 570 575

gat aga atc gta gag gca ccc agt cag tca gag tca gag cca gag aag 2073
Asp Arg Ile Val Glu Ala Pro Ser Gln Ser Glu Ser Glu Pro Glu Lys
580 585 590

gct cca ttg tgc agt gtg ccc cca ccc cct cct tca gcc ttt gcc gaa 2121

Ala Pro Leu Cys Ser Val Pro Pro Pro Pro Ser Ala Phe Ala Glu

595 600 605 610

atg ggt agt gat cac aca cag tca tct gca agc aaa atc tca caa gat 2169

Met Gly Ser Asp His Thr Gln Ser Ser Ala Ser Lys Ile Ser Gln Asp

615 620 625

gtg gac aaa gag gat gag ttt ggt tac agc tgg aaa aat atc aga gag 2217

Val Asp Lys Glu Asp Glu Phe Gly Tyr Ser Trp Lys Asn Ile Arg Glu

630 635 640

cgt tat gga acc cta aca ggc gag ctg cat atg att gaa ctg gag aaa 2265

Arg Tyr Gly Thr Leu Thr Gly Glu Leu His Met Ile Glu Leu Glu Lys

645 650 655

ggt cat agt ggt ttg ggc cta agt ctt gct ggg aac aaa gac cga tcc 2313

Gly His Ser Gly Leu Gly Leu Ser Leu Ala Gly Asn Lys Asp Arg Ser

660 665 670

agg atg agt gtc ttc ata gtg ggg att gat cca aat gga gct gca gga 2361

Arg Met Ser Val Phe Ile Val Gly Ile Asp Pro Asn Gly Ala Ala Gly

675 680 685 690

aaa gat ggt cga ttg caa att gca gat gag ctt cta gag atc aat ggt 2409

Lys Asp Gly Arg Leu Gln Ile Ala Asp Glu Leu Leu Glu Ile Asn Gly

695 700 705

cag att tta tat gga aga agt cat cag aat gcc tca tca atc att aaa 2457
Gln Ile Leu Tyr Gly Arg Ser His Gln Asn Ala Ser Ser Ile Ile Lys

710 715 720

tgt gcc cct tct aaa gtg aaa ata att ttt atc aga aat aaa gat gca 2505
Cys Ala Pro Ser Lys Val Lys Ile Ile Phe Ile Arg Asn Lys Asp Ala

725 730 735

gtg aat cag atg gcc gta tgt cct gga aat gca gta gaa cct ttg cct 2553
Val Asn Gln Met Ala Val Cys Pro Gly Asn Ala Val Glu Pro Leu Pro

740 745 750

tct aac tca gaa aat ctt caa aat aag gag aca gag cca act gtt act 2601
Ser Asn Ser Glu Asn Leu Gln Asn Lys Glu Thr Glu Pro Thr Val Thr
755 760 765 770

act tct gat gca gct gtg gac ctc agt tca ttt aaa aat gtg caa cat 2649
Thr Ser Asp Ala Ala Val Asp Leu Ser Ser Phe Lys Asn Val Gln His

775 780 785

ctg gag ctt ccc aag gat cag ggg ggt ttg ggt att gct atc agc gaa 2697
Leu Glu Leu Pro Lys Asp Gln Gly Gly Leu Gly Ile Ala Ile Ser Glu
790 795 800

gaa gat aca ctc agt gga gtc atc ata aag agc tta aca gag cat ggg 2745
Glu Asp Thr Leu Ser Gly Val Ile Ile Lys Ser Leu Thr Glu His Gly
805 810 815

gta gca gcc acg gat gga cga ctc aaa gtc gga gat cag ata ctg gct 2793
Val Ala Ala Thr Asp Gly Arg Leu Lys Val Gly Asp Gln Ile Leu Ala

820 825 830

gta gat gat gaa att gtt gtt ggt tac cct att gaa aag ttt att agc 2841
Val Asp Asp Glu Ile Val Val Gly Tyr Pro Ile Glu Lys Phe Ile Ser
835 840 845 850

ctt ctg aag aca gca aag atg aca gta aaa ctt acc atc cat gct gag 2889
Leu Leu Lys Thr Ala Lys Met Thr Val Lys Leu Thr Ile His Ala Glu
855 860 865

aat cca gat tcc cag gct gtt cct tca gca gct ggt gca gcc agt gga 2937
Asn Pro Asp Ser Gln Ala Val Pro Ser Ala Ala Gly Ala Ala Ser Gly
870 875 880

gaa aaa aag aac agc tcc cag tct ctg atg gtc cca cag tct ggc tcc 2985
Glu Lys Lys Asn Ser Ser Gln Ser Leu Met Val Pro Gln Ser Gly Ser
885 890 895

cca gaa ccg gag tcc atc cga aat aca agc aga tca tca aca cca gca 3033
Pro Glu Pro Glu Ser Ile Arg Asn Thr Ser Arg Ser Ser Thr Pro Ala
900 905 910

att ttt gct tct gat cct gca acc tgc ccc att atc cct ggc tgc gaa 3081
Ile Phe Ala Ser Asp Pro Ala Thr Cys Pro Ile Ile Pro Gly Cys Glu
915 920 925 930

aca acc atc gag att tcc aaa ggg cga aca ggg ctg ggc ctg agc atc 3129
Thr Thr Ile Glu Ile Ser Lys Gly Arg Thr Gly Leu Gly Leu Ser Ile

935 940 945

gtt ggg ggt tca gac acg ctg ctg ggt gcc ttt att atc cat gaa gtt 3177
Val Gly Gly Ser Asp Thr Leu Leu Gly Ala Phe Ile Ile His Glu Val

950 955 960

tat gaa gaa gga gca gca tgt aaa gat gga aga ctc tgg gct gga gat 3225
Tyr Glu Glu Gly Ala Ala Cys Lys Asp Gly Arg Leu Trp Ala Gly Asp

965 970 975

cag atc tta gag gtg aat gga att gac ttg agg aag gcc aca cat gat 3273
Gln Ile Leu Glu Val Asn Gly Ile Asp Leu Arg Lys Ala Thr His Asp

980 985 990

gaa gca atc aat gtc ctg aga cag acg cca cag aga gtg cgc ctg aca 3321
Glu Ala Ile Asn Val Leu Arg Gln Thr Pro Gln Arg Val Arg Leu Thr
995 1000 1005 1010

ctc tac aga gat gag gcc cca tac aaa gag gag gaa gtg tgt gac acc 3369
Leu Tyr Arg Asp Glu Ala Pro Tyr Lys Glu Glu Glu Val Cys Asp Thr

1015 1020 1025

ctc act att gag ctg cag aag aag ccg gga aaa ggc cta gga tta agt 3417
Leu Thr Ile Glu Leu Gln Lys Lys Pro Gly Lys Gly Leu Gly Leu Ser
1030 1035 1040

att gtt ggt aaa aga aac gat act gga gta ttt gtg tca gac att gtc 3465
Ile Val Gly Lys Arg Asn Asp Thr Gly Val Phe Val Ser Asp Ile Val
1045 1050 1055

aaa gga gga att gca gat ccc gat gga aga ctg atc cag gga gac cag 3513
Lys Gly Gly Ile Ala Asp Pro Asp Gly Arg Leu Ile Gln Gly Asp Gln
1060 1065 1070

ata tta ttg gtg aat ggg gaa gac gtt cgt aat gcc tcc caa gaa gcg 3561
Ile Leu Leu Val Asn Gly Glu Asp Val Arg Asn Ala Ser Gln Glu Ala
1075 1080 1085 1090

gtt gcc gct ttg cta aag tgt tcc cta ggc aca gta acc ttg gaa gtt 3609
Val Ala Ala Leu Leu Lys Cys Ser Leu Gly Thr Val Thr Leu Glu Val
1095 1100 1105

gga aga atc aaa gct ggt cca ttc cat tca gag agg agg cca tct caa 3657
Gly Arg Ile Lys Ala Gly Pro Phe His Ser Glu Arg Arg Pro Ser Gln
1110 1115 1120

acc agc cag gtg agt gaa ggc agc ctg tct ttc act ttt cca ctc 3705
Thr Ser Gln Val Ser Glu Gly Ser Leu Ser Ser Phe Thr Phe Pro Leu
1125 1130 1135

tct gga tcc agt aca tct gag tca ctg gaa agt agc tca aag aag aat 3753
Ser Gly Ser Ser Thr Ser Glu Ser Leu Glu Ser Ser Ser Lys Lys Asn
1140 1145 1150

gca ttg gca tct gaa ata cag gga tta aga aca gtc gaa atg aaa aag 3801

Ala Leu Ala Ser Glu Ile Gln Gly Leu Arg Thr Val Glu Met Lys Lys

1155 1160 1165 1170

ggc cct act gac tca ctg gga atc agc atc gct gga gga gta ggc agc 3849

Gly Pro Thr Asp Ser Leu Gly Ile Ser Ile Ala Gly Gly Val Gly Ser

1175 1180 1185

cca ctt ggt gat gtg cct ata ttt att gca atg atg cac cca act gga 3897

Pro Leu Gly Asp Val Pro Ile Phe Ile Ala Met Met His Pro Thr Gly

1190 1195 1200

gtt gca gca cag acc caa aaa ctc aga gtt ggg gat agg att gtc acc 3945

Val Ala Ala Gln Thr Gln Lys Leu Arg Val Gly Asp Arg Ile Val Thr

1205 1210 1215

atc tgt ggc aca tcc act gag ggc atg act cac acc caa gca gtt aac 3993

Ile Cys Gly Thr Ser Thr Glu Gly Met Thr His Thr Gln Ala Val Asn

1220 1225 1230

cta ctg aaa aat gca tct ggc tcc att gaa atg cag gtg gtt gct gga 4041

Leu Leu Lys Asn Ala Ser Gly Ser Ile Glu Met Gln Val Val Ala Gly

1235 1240 1245 1250

gga gac gtg agt gtg gtc aca ggt cat cat cag gag cct gca agt tcc 4089

Gly Asp Val Ser Val Val Thr Gly His His Gln Glu Pro Ala Ser Ser

1255 1260 1265

agt ctt tct ttc act ggg ctg acg tca acc agt ata ttt cag gat gat 4137
Ser Leu Ser Phe Thr Gly Leu Thr Ser Thr Ser Ile Phe Gln Asp Asp

1270 1275 1280

tta gga cct cct caa tgt aag tct att aca cta gag cga gga cca gat 4185
Leu Gly Pro Pro Gln Cys Lys Ser Ile Thr Leu Glu Arg Gly Pro Asp

1285 1290 1295

ggc tta ggc ttc agt ata gtt gga gga tat ggc agc cct cat gga gac 4233
Gly Leu Gly Phe Ser Ile Val Gly Gly Tyr Gly Ser Pro His Gly Asp

1300 1305 1310

tta ccc att tat gtt aaa aca gtg ttt gca aag gga gca gcc tct gaa 4281
Leu Pro Ile Tyr Val Lys Thr Val Phe Ala Lys Gly Ala Ala Ser Glu
1315 1320 1325 1330

gac gga cgt ctg aaa agg ggc gat cag atc att gct gtc aat ggg cag 4329
Asp Gly Arg Leu Lys Arg Gly Asp Gln Ile Ile Ala Val Asn Gly Gln
1335 1340 1345

agt cta gaa gga gtc acc cat gaa gaa gct gtt gcc atc ctt aaa cgg 4377
Ser Leu Glu Gly Val Thr His Glu Glu Ala Val Ala Ile Leu Lys Arg
1350 1355 1360

aca aaa ggc act gtc act ttg atg gtt ctc tct tgaattggct gccagaattg 4430
Thr Lys Gly Thr Val Thr Leu Met Val Leu Ser
1365 1370

aaccaaccctt accccttagct caccccttac tgtaaagaga atgcactggt cctgacaatt 4490

tttatgctgt gttcagccgg gtcttcaaaa ctgttaggggg gaaataaacac ttaagtttct 4550

ttttctcatc tagaaatgct ttcccttactg acaacctaac atcattttc ttttcttctt 4610

gcatttttgt aacttaaaga gaaggaatat ttgtgttaggt gaatctcggtt tttattttgt 4670

gagatatcta atgttttgta gtcacatggg caagaattat tacatgctaa gctggtttagt 4730

ataaaagaaaag ataattctaa agctaaccaa agaaaatggc ttcatgtttagt taggatgaaa 4790

aatgaaaata taaaataaag aagaaaatct cggggagttt aaaaaaaatg cctcaatttg 4850

gcaatctacc tcctctcccc accccaaact

<210> 4

<211> 90

<212> PRT

<213> Homo sapience

<400> 4

Ala Gly Ile Gln His Ile Glu Leu Glu Lys Gly Ser Lys Gly Leu Gly

1

5

10

15

Phe Ser Ile Leu Asp Tyr Gln Asp Pro Ile Asp Pro Ala Ser Thr Val

20

25

30

Ile Ile Ile Arg Ser Leu Val Pro Gly Gly Ile Ala Glu Lys Asp Gly

35

40

45

Arg Leu Leu Pro Gly Asp Arg Leu Met Phe Val Asn Asp Val Asn Leu

50

55

60

Glu Asn Ser Ser Leu Glu Glu Ala Val Glu Ala Leu Lys Gly Ala Pro

65

70

75

80

Ser Gly Thr Val Arg Ile Gly Val Ala Lys

85

90

<210> 5

<211> 91

<212> PRT

<213> Homo sapience

<400> 5

Gln Asn Val Ser Lys Glu Ser Phe Glu Arg Thr Ile Asn Ile Ala Lys

1

5

10

15

Gly Asn Ser Ser Leu Gly Met Thr Val Ser Ala Asn Lys Asp Gly Leu

20

25

30

Gly Met Ile Val Arg Ser Ile Ile His Gly Gly Ala Ile Ser Arg Asp

35

40

45

Gly Arg Ile Ala Ile Gly Asp Cys Ile Leu Ser Ile Asn Glu Glu Ser

50

55

60

Thr Ile Ser Val Thr Asn Ala Gln Ala Arg Ala Met Leu Arg Arg His

65

70

75

80

Ser Leu Ile Gly Pro Asp Ile Lys Ile Thr Tyr

85

90

<210> 6

<211> 96

<212> PRT

<213> Homo sapience

<400> 6

Asn Gln Pro Arg Arg Val Glu Leu Trp Arg Glu Pro Ser Lys Ser Leu

1 5 10 15

Gly Ile Ser Ile Val Gly Gly Arg Gly Met Gly Ser Arg Leu Ser Asn

20 25 30

Gly Glu Val Met Arg Gly Ile Phe Ile Lys His Val Leu Glu Asp Ser

35 40 45

Pro Ala Gly Lys Asn Gly Thr Leu Lys Pro Gly Asp Arg Ile Val Glu

50 55 60

Ala Pro Ser Gln Ser Glu Ser Glu Pro Glu Lys Ala Pro Leu Cys Ser

65 70 75 80

Val Pro Pro Pro Pro Ser Ala Phe Ala Glu Met Gly Ser Asp His

85 90 95

<210> 7

<211> 86

<212> PRT

<213> Homo sapience

<400> 7

Gly Glu Leu His Met Ile Glu Leu Glu Lys Gly His Ser Gly Leu Gly

1 5 10 15

Leu Ser Leu Ala Gly Asn Lys Asp Arg Ser Arg Met Ser Val Phe Ile

20 25 30

Val Gly Ile Asp Pro Asn Gly Ala Ala Gly Lys Asp Gly Arg Leu Gln

35

40

45

Ile Ala Asp Glu Leu Leu Glu Ile Asn Gly Gln Ile Leu Tyr Gly Arg

50

55

60

Ser His Gln Asn Ala Ser Ser Ile Ile Lys Cys Ala Pro Ser Lys Val

65

70

75

80

Lys Ile Ile Phe Ile Arg

85

<210> 8

<211> 84

<212> PRT

<213> Homo sapience

<400> 8

Lys Asn Val Gln His Leu Glu Leu Pro Lys Asp Gln Gly Gly Leu Gly

1

5

10

15

Ile Ala Ile Ser Glu Glu Asp Thr Leu Ser Gly Val Ile Ile Lys Ser

20

25

30

Leu Thr Glu His Gly Val Ala Ala Thr Asp Gly Arg Leu Lys Val Gly

35

40

45

Asp Gln Ile Leu Ala Val Asp Asp Glu Ile Val Val Gly Tyr Pro Ile

50

55

60

Glu Lys Phe Ile Ser Leu Leu Lys Thr Ala Lys Met Thr Val Lys Leu

65

70

75

80

Thr Ile His Ala

<210> 9

<211> 86

<212> PRT

<213> Homo sapience

<400> 9

Gly Cys Glu Thr Thr Ile Glu Ile Ser Lys Gly Arg Thr Gly Leu Gly

1

5

10

15

Leu Ser Ile Val Gly Gly Ser Asp Thr Leu Leu Gly Ala Phe Ile Ile

20

25

30

His Glu Val Tyr Glu Glu Gly Ala Ala Cys Lys Asp Gly Arg Leu Trp

35

40

45

Ala Gly Asp Gln Ile Leu Glu Val Asn Gly Ile Asp Leu Arg Lys Ala

50

55

60

Thr His Asp Glu Ala Ile Asn Val Leu Arg Gln Thr Pro Gln Arg Val

65

70

75

80

Arg Leu Thr Leu Tyr Arg

85

<210> 10

<211> 85

<212> PRT

<213> Homo sapience

<400> 10

Cys Asp Thr Leu Thr Ile Glu Leu Gln Lys Lys Pro Gly Lys Gly Leu

1

5

10

15

Gly Leu Ser Ile Val Gly Lys Arg Asn Asp Thr Gly Val Phe Val Ser

20

25

30

Asp Ile Val Lys Gly Gly Ile Ala Asp Pro Asp Gly Arg Leu Ile Gln

35

40

45

Gly Asp Gln Ile Leu Leu Val Asn Gly Glu Asp Val Arg Asn Ala Ser

50

55

60

Gln Glu Ala Val Ala Ala Leu Leu Lys Cys Ser Leu Gly Thr Val Thr

65

70

75

80

Leu Glu Val Gly Arg

85

<210> 11

<211> 89

<212> PRT

<213> Homo sapience

<400> 11

Gln Gly Leu Arg Thr Val Glu Met Lys Lys Gly Pro Thr Asp Ser Leu

1

5

10

15

Gly Ile Ser Ile Ala Gly Gly Val Gly Ser Pro Leu Gly Asp Val Pro

20

25

30

Ile Phe Ile Ala Met Met His Pro Thr Gly Val Ala Ala Gln Thr Gln

35

40

45

Lys Leu Arg Val Gly Asp Arg Ile Val Thr Ile Cys Gly Thr Ser Thr

50

55

60

Glu Gly Met Thr His Thr Gln Ala Val Asn Leu Leu Lys Asn Ala Ser

65

70

75

80

Gly Ser Ile Glu Met Gln Val Val Ala

85

<210> 12

<211> 88

<212> PRT

<213> Homo sapience

<400> 12

Pro Gln Cys Lys Ser Ile Thr Leu Glu Arg Gly Pro Asp Gly Leu Gly

1

5

10

15

Phe Ser Ile Val Gly Gly Tyr Gly Ser Pro His Gly Asp Leu Pro Ile

20

25

30

Tyr Val Lys Thr Val Phe Ala Lys Gly Ala Ala Ser Glu Asp Gly Arg

35

40

45

Leu Lys Arg Gly Asp Gln Ile Ile Ala Val Asn Gly Gln Ser Leu Glu

50

55

60

Gly Val Thr His Glu Glu Ala Val Ala Ile Leu Lys Arg Thr Lys Gly

65

70

75

80

Thr Val Thr Leu Met Val Leu Ser

85

<210> 13

<211> 184

<212> DNA

<213> Homo sapience

<400> 132

gctatttga aaatatattt atatctacga aaagaattgg gaaaacaaat attaatcag 60

agaattattc cttaaagatt taaaatgtat tttagtgtac attttatatg gttcacccc 120

agcacatgaa gtataatggc cagatttatt tngtatttt ttactattat aaccacttt 180

tagg 184

<210> 14

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Artificially Synthesized Primer Sequence

<400> 14

ctccccatcc ctcggtccacc

20

<210> 15

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Artificially Synthesized Primer Sequence

<400> 15

ctctgactct gactgactgg

20

<210> 16

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Artificially Synthesized Primer Sequence

<400> 16

atgagtttgg ttacagctgg

20

<210> 17

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Artificially Synthesized Primer Sequence

<400> 17

tcagagagcg ttatggaacc

20

<210> 18

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Artificially Synthesized Primer Sequence

<400> 18

agtcttgctg ggaacaaaga

20

<210> 19

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Artificially Synthesized Primer Sequence

<400> 19

actgttacta cttctgatgc

20

<210> 20

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Artificially Synthesized Primer Sequence

<400> 20

tctgatggtc ccacagtctg

20

<210> 21

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Artificially Synthesized Primer Sequence

<400> 21

gttgtttcgc agccaggat

20

<210> 22

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Artificially Synthesized Primer Sequence

<400> 22

ctgagcatcg ttgggggttc

20

<210> 23

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Artificially Synthesized Primer Sequence

<400> 23

cctcatctc ttagatgtc

20

<210> 24

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Artificially Synthesized Primer Sequence

<400> 24

tgttagcccc ctcactaagg

20

<210> 25

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Artificially Synthesized Primer Sequence

<400> 25

gctatgtgct aggaaatacg

20

<210> 26

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Artificially Synthesized Primer Sequence

<400> 26

tagggagaag gatcagagcg

20

<210> 27

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Artificially Synthesized Primer Sequence

<400> 27

acagatttct gactcactgg

20

<210> 28

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Artificially Synthesized Primer Sequence

<400> 28

tggaaatagg cattttcag

20

<210> 29

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Artificially Synthesized Primer Sequence

<400> 29

atacaaagac ggtctaatcc

20

<210> 30

<211> 21

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Artificially Synthesized Primer Sequence

<400> 30

ccgcgtttcccc atcttttagaaaa c

21

<210> 31

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Artificially Synthesized Primer Sequence

40 /160

<400> 31

tatctcggtt ggaagatgtg

20

<210> 32

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Artificially Synthesized Primer Sequence

<400> 32

acataaatgt tgcttatcacc

20

<210> 33

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Artificially Synthesized Primer Sequence

<400> 33

tgccacttag tagccgagtg

20

<210> 34

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Artificially Synthesized Primer Sequence

<400> 34

gcattgcatt acagttgagc

20

<210> 35

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Artificially Synthesized Primer Sequence

<400> 35

tcctcccttg acaatgtctg

20

<210> 36

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Artificially Synthesized Primer Sequence

<400> 36

catttcgact gttcttaatc 20

<210> 37

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Artificially Synthesized Primer Sequence

<400> 37

tcaagtggatg tgccacagat 20

<210> 38

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Artificially Synthesized Primer Sequence

<400> 38

cagtaggtta actgcttcgg 20

<210> 39

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Artificially Synthesized Primer Sequence

<400> 39

agtccatgc tttcttcgg

20

<210> 40

<211> 21

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Artificially Synthesized Primer Sequence

<400> 40

tttcttcac tgggctgaagt c

21

<210> 41

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Artificially Synthesized Primer Sequence

<400> 41

cctctgaaga cggacgtctg

20

<210> 42

<211> 27

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Artificially Synthesized Primer Sequence

<400> 42

ccatcctaat acgactcact ataggc

27

<210> 43

<211> 27

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Artificially Synthesized Primer Sequence

<400> 43

ttggggtgtggg gagaggaggt agattgc

27

<210> 44

<211> 23

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Artificially Synthesized Primer Sequence

<400> 44

actcactata gggctcgagc ggc

23

<210> 45

<211> 27

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Artificially Synthesized Primer Sequence

<400> 45

gcacatcacc aagtgggctg cctactc

27

<210> 46

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Artificially Synthesized Primer Sequence

<400> 46

atgagtttgg ttacagctgg

20

<210> 47

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Artificially Synthesized Primer Sequence

<400> 47

aatctaatgc agctcgccctg

20

<210> 48

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Artificially Synthesized Primer Sequence

<400> 48

agtcttgctg ggaacaaaga

20

<210> 49

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Artificially Synthesized Primer Sequence

<400> 49

tcactttaga aggggcacat

20

<210> 50

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Artificially Synthesized Primer Sequence

<400> 50

actgttacta cttctgatgc

20

<210> 51

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Artificially Synthesized Primer Sequence

<400> 51

tctgatggtc ccacagtctg

20

<210> 52

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Artificially Synthesized Primer Sequence

<400> 52

gttgtttcgc agccagggat

20

<210> 53

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Artificially Synthesized Primer Sequence

<400> 53

ctgagcatcg ttgggggttc

20

<210> 54

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Artificially Synthesized Primer Sequence

<400> 54

cctcatctct gtagagtgtc

20

<210> 55

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Artificially Synthesized Primer Sequence

<400> 55

tagggagaag gatcagagcg

20

<210> 56

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Artificially Synthesized Primer Sequence

<400> 56

tcctcccttg acaatgtctg

20

<210> 57

<211> 18

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Artificially Synthesized Primer Sequence

<400> 57

tttcatcatc tacagccagt

20

<210> 58

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Artificially Synthesized Primer Sequence

<400> 58

tgacaccctc actattgagc

20

<210> 59

<211> 2819

<212> DNA

<213> Homo sapience

<220>

<221> CDS

<222> (43)...(2331)

<400> 59

accaccgcct ccgcggcacc ccctccttca gcctttgccg aa atg ggt agt aat 54

Met Gly Ser Asn

1

cac aca cag tca tct gca agc aaa atc tca caa gat gtg gac aaa gag 102

His Thr Gln Ser Ser Ala Ser Lys Ile Ser Gln Asp Val Asp Lys Glu

5

10

15

20

gat gag ttt ggt tac agc tgg aaa aat atc aga gag cgt tat gga acc 150

Asp Glu Phe Gly Tyr Ser Trp Lys Asn Ile Arg Glu Arg Tyr Gly Thr

25

30

35

cta aca ggc gag ctg cat atg att gaa ctg gag aaa ggt cat agt ggt 198

Leu Thr Gly Glu Leu His Met Ile Glu Leu Glu Lys Gly His Ser Gly

40

45

50

ttg ggc cta agt ctt gct ggg aac aaa gac cga tcc agg atg agt gtc 246

Leu Gly Leu Ser Leu Ala Gly Asn Lys Asp Arg Ser Arg Met Ser Val

55

60

65

ttc ata gtg ggg att gat cca aat gga gct gca gga aaa gat ggt cga 294

Phe Ile Val Gly Ile Asp Pro Asn Gly Ala Ala Gly Lys Asp Gly Arg

70

75

80

ttg caa att gca gat gag ctt cta gag atc aat ggt cag att tta tat 342

Leu Gln Ile Ala Asp Glu Leu Leu Glu Ile Asn Gly Gln Ile Leu Tyr

52 /160

85

90

95

100

gga aga agt cat cag aat gcc tca tca atc att aaa tgt gcc cct tct 390

Gly Arg Ser His Gln Asn Ala Ser Ser Ile Ile Lys Cys Ala Pro Ser

105

110

115

aaa gtg aaa ata att ttt atc aga aat aaa gat gca gtg aat cag atg 438

Lys Val Lys Ile Ile Phe Ile Arg Asn Lys Asp Ala Val Asn Gln Met

120

125

130

gcc gta tgt cct gga aat gca gta gaa cct ttg cct tct aac tca gaa 486

Ala Val Cys Pro Gly Asn Ala Val Glu Pro Leu Pro Ser Asn Ser Glu

135

140

145

aat ctt caa aat aag gag cca gag cca act gtt act act tct gat gca 534

Asn Leu Gln Asn Lys Glu Pro Glu Pro Thr Val Thr Ser Asp Ala

150

155

160

gct gtg gac ctc agt tca ttt aaa aat gtg caa cat ctg gag ctt ccc 582

Ala Val Asp Leu Ser Ser Phe Lys Asn Val Gln His Leu Glu Leu Pro

165

170

175

180

aag gat cag ggg ggt ttg ggt att gct atc agc gaa gaa gat aca ctc 630

Lys Asp Gln Gly Gly Leu Gly Ile Ala Ile Ser Glu Glu Asp Thr Leu

185

190

195

agt gga gtc atc ata aag agc tta aca gag cat ggg gta gca gcc acg 678

Ser Gly Val Ile Ile Lys Ser Leu Thr Glu His Gly Val Ala Ala Thr

200

205

210

gat gga cga ctc aaa gtc gga gat cag ata ctg gct gta gat gat gaa 726
Asp Gly Arg Leu Lys Val Gly Asp Gln Ile Leu Ala Val Asp Asp Glu

215

220

225

att gtt gtt ggt tac cct att gaa aag ttt att agc ctt ctg aag aca 774
Ile Val Val Gly Tyr Pro Ile Glu Lys Phe Ile Ser Leu Leu Lys Thr

230

235

240

gca aag atg aca gta aaa ctt acc atc cat gct gag aat cca gat tcc 822
Ala Lys Met Thr Val Lys Leu Thr Ile His Ala Glu Asn Pro Asp Ser
245 250 255 260

cag gct gtt cct tca gca gct ggt gca gcc agt gga gaa aaa aag aac 870
Gln Ala Val Pro Ser Ala Ala Gly Ala Ala Ser Gly Glu Lys Lys Asn

265

270

275

agc tcc cag tct ctg atg gtc cca cag tct ggc tcc cca gaa ccg gag 918
Ser Ser Gln Ser Leu Met Val Pro Gln Ser Gly Ser Pro Glu Pro Glu

280

285

290

tcc atc cga aat aca agc aga tca tca aca cca gca att ttt gct tct 966
Ser Ile Arg Asn Thr Ser Arg Ser Ser Thr Pro Ala Ile Phe Ala Ser

295

300

305

gat cct gca acc tgc ccc att atc cct ggc tgc gaa aca acc atc gag 1014
Asp Pro Ala Thr Cys Pro Ile Ile Pro Gly Cys Glu Thr Thr Ile Glu

310

315

320

att tcc aaa ggg cga aca ggg ctg ggc ctg agc atc gtt ggg ggt tca 1062

Ile Ser Lys Gly Arg Thr Gly Leu Gly Leu Ser Ile Val Gly Gly Ser

325

330

335

340

gac acg ctg ctg ggt gcc ttt att atc cat gaa gtt tat gaa gaa gga 1110

Asp Thr Leu Leu Gly Ala Phe Ile Ile His Glu Val Tyr Glu Glu Gly

345

350

355

gca gca tgt aaa gat gga aga ctc tgg gct gga gat cag atc tta gag 1158

Ala Ala Cys Lys Asp Gly Arg Leu Trp Ala Gly Asp Gln Ile Leu Glu

360

365

370

gtg aat gga att gac ttg agg aag gcc aca cat gat gaa gca atc aat 1206

Val Asn Gly Ile Asp Leu Arg Lys Ala Thr His Asp Glu Ala Ile Asn

375

380

385

gtc ctg aga cag acg cca cag aga gtg cgc ctg aca ctc tac aga gat 1254

Val Leu Arg Gln Thr Pro Gln Arg Val Arg Leu Thr Leu Tyr Arg Asp

390

395

400

gag gcc cca tac aaa gag gag gaa gtg tgt gac acc ctc act att gag 1302

Glu Ala Pro Tyr Lys Glu Glu Glu Val Cys Asp Thr Leu Thr Ile Glu

405

410

415

420

ctg cag aag aag ccg gga aaa ggc cta gga tta agt att gtt ggt aaa 1350

Leu Gln Lys Lys Pro Gly Lys Gly Leu Gly Leu Ser Ile Val Gly Lys

425

430

435

aga aac gat act gga gta ttt gtg tca gac att gtc aaa gga gga att 1398
Arg Asn Asp Thr Gly Val Phe Val Ser Asp Ile Val Lys Gly Gly Ile

440

445

450

gca gat ccc gat gga aga ctg atc cag gga gac cag ata tta ttg gtg 1446
Ala Asp Pro Asp Gly Arg Leu Ile Gln Gly Asp Gln Ile Leu Leu Val

455

460

465

aat ggg gaa gac gtt cgt aat gcc tcc caa gaa gcg gtt gcc gct ttg 1494
Asn Gly Glu Asp Val Arg Asn Ala Ser Gln Glu Ala Val Ala Ala Leu

470

475

480

cta aag tgt tcc cta ggc aca gta acc ttg gaa gtt gga aga atc aaa 1542
Leu Lys Cys Ser Leu Gly Thr Val Thr Leu Glu Val Gly Arg Ile Lys
485 490 495 500

gct ggt cca ttc cat tca gag agg agg cca tct caa acc acc agc cag gtg 1590
Ala Gly Pro Phe His Ser Glu Arg Arg Pro Ser Gln Thr Ser Gln Val

505

510

515

agt gaa ggc agc ctg tct tct act ttt cca ctc tct gga tcc agt 1638
Ser Glu Gly Ser Leu Ser Ser Phe Thr Phe Pro Leu Ser Gly Ser Ser

520

525

530

aca tct gag tca ctg gaa agt agc tca aag aag aat gca ttg gca tct 1686
Thr Ser Glu Ser Leu Glu Ser Ser Lys Lys Asn Ala Leu Ala Ser

535

540

545

gaa ata cag gga tta aga aca gtc gaa atg aaa aag ggc cct act gac 1734
Glu Ile Gln Gly Leu Arg Thr Val Glu Met Lys Lys Gly Pro Thr Asp

550

555

560

tca ctg gga atc agc atc gct gga gga gta ggc agc cca ctt ggt gat 1782
Ser Leu Gly Ile Ser Ile Ala Gly Gly Val Gly Ser Pro Leu Gly Asp
565 570 575 580

gtg cct ata ttt att gca atg atg cac cca act gga gtt gca gca cag 1830
Val Pro Ile Phe Ile Ala Met Met His Pro Thr Gly Val Ala Ala Gln

585

590

595

acc caa aaa ctc aga gtt ggg gat agg att gtc acc atc tgt ggc aca 1878
Thr Gln Lys Leu Arg Val Gly Asp Arg Ile Val Thr Ile Cys Gly Thr
600 605 610

tcc act gag ggc atg act cac acc caa gca gtt aac cta ctg aaa aat 1926
Ser Thr Glu Gly Met Thr His Thr Gln Ala Val Asn Leu Leu Lys Asn
615 620 625

gca tct ggc tcc att gaa atg cag gtg gtt gct gga gga gac gtg agt 1974
Ala Ser Gly Ser Ile Glu Met Gln Val Val Ala Gly Gly Asp Val Ser
630 635 640

gtg gtc aca ggt cat cat cag gag cct gca agt tcc agt ctt tct ttc 2022
Val Val Thr Gly His His Gln Glu Pro Ala Ser Ser Ser Leu Ser Phe
645 650 655 660

act ggg ctg acg tca acc agt ata ttt cag gat gat tta gga cct cct 2070
Thr Gly Leu Thr Ser Thr Ser Ile Phe Gln Asp Asp Leu Gly Pro Pro
665 670 675

caa tgt aag tct att aca cta gag cga gga cca gat ggc tta ggc ttc 2118
Gln Cys Lys Ser Ile Thr Leu Glu Arg Gly Pro Asp Gly Leu Gly Phe
680 685 690

agt ata gtt gga gga tat ggc agc cct cat gga gac tta ccc att tat 2166
Ser Ile Val Gly Gly Tyr Gly Ser Pro His Gly Asp Leu Pro Ile Tyr
695 700 705

gtt aaa aca gtg ttt gca aag gga gca gcc tct gaa gac gga cgt ctg 2214
Val Lys Thr Val Phe Ala Lys Gly Ala Ala Ser Glu Asp Gly Arg Leu
710 715 720

aaa agg ggc gat cag atc att gct gtc aat ggg cag agt cta gaa gga 2262
Lys Arg Gly Asp Gln Ile Ile Ala Val Asn Gly Gln Ser Leu Glu Gly
725 730 735 740

gtc acc cat gaa gaa gct gtt gcc atc ctt aaa cgg aca aaa ggc act 2310
Val Thr His Glu Glu Ala Val Ala Ile Leu Lys Arg Thr Lys Gly Thr
745 750 755

gtc act ttg atg gtt ctc tct tgaattggct gccagaattg aaccaaccca 2361
Val Thr Leu Met Val Leu Ser
760

acccttagct cacccctac tgtaaagaga atgcactggc cctgacaatt tttatgctgt 2421

gttcagccgg gtcttcaaaa ctgttaggggg gaaataaac ttaagttct ttttctcatc 2481

tagaaatgct ttccttactg acaacctaac atcattttc ttttcttctt gcattttgtg 2541

aacttaaaga gaaggaatat ttgttaggt gaatctcggt tttatgtg gagatata 2601

atgtttgtt gtcacatggg caagaattat tacatgctaa gctggtagt ataaagaaag 2661

ataattctaa agctaaccaa agaaaatggc ttcagtaagt taggataaa aatgaaaata 2721

taaaataaag aagaaaatct cggggagttt aaaaaaaaaatg cctcaatttg gcaatctacc 2781

tcctctcccc accccaaact aaaaaaaaaa aaaaaaaaa 2819

<210> 60

<211> 25

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Artificially Synthesized Primer Sequence

<400> 60

gcccttagga cgcgtaatac gactc 25

<210> 61

<211> 25

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Artificially Synthesized Primer Sequence

<400> 61

agccaggatc tgatctccga ctttg

25

<210> 62

<211> 25

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Artificially Synthesized Primer Sequence

<400> 62

attttcactt tagaaggggc acat

25

<210> 63

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

60 /160

<223> Artificially Synthesized Primer Sequence

<400> 63

ggcataactt tacttacttg

20

<210> 64

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Artificially Synthesized Primer Sequence

<400> 64

atctactaag tcagcatcat

20

<210> 65

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Artificially Synthesized Primer Sequence

<400> 65

atttgcaggt gtgttgtcat

20

<210> 66

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Artificially Synthesized Primer Sequence

<400> 66

ttccttctgt gctacccgat

20

<210> 67

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Artificially Synthesized Primer Sequence

<400> 67

ggactatctt ccagaacatg

20

<210> 68

<211> 25

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Artificially Synthesized Primer Sequence

<400> 68

atcgggtcca ttccattcag agagg

25

<210> 69

<211> 28

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Artificially Synthesized Primer Sequence

<400> 69

aatttgtcaag agagaaccat caaagtgg

28

<210> 70

<211> 25

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Artificially Synthesized Primer Sequence

<400> 7

atcgatgggt agtaatcaca cacag

25

<210> 71

<211> 27

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Artificially Synthesized Primer Sequence

<400> 71

aattgctata ctggatccag agagtgg

27

<210> 72

<211> 21

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Artificially Synthesized Peptide Sequence

<400> 72

Val Asp Lys Glu Asp Glu Phe Gly Tyr Ser Trp Lys Asn Ile Arg Glu

1

5

10

15

Arg Tyr Gly Cys Gly

20

<210> 73

<211> 25

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Artificially Synthesized Primer Sequence

<400> 73

tttgtgccca ccagagccaa gtcag

25

<210> 74

<211> 25

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Artificially Synthesized Primer Sequence

<400> 74

gtgaaagggg taaaggctta gcaac

25

<210> 75

<211> 1776

<212> DNA

<213> Homo sapience

<400> 75

ca att aca cat cag cag gct atc agc atc ctg cag aaa gcc aaa gat

47

Ile Thr His Gln Gln Ala Ile Ser Ile Leu Gln Lys Ala Lys Asp

1

5

10

15

acc gtc cag cta gtt att gcc aga ggc tca ttg cct cag ctt gtc agc

95

65 /160

Thr Val Gln Leu Val Ile Ala Arg Gly Ser Leu Pro Gln Leu Val Ser

20 25 30

ccc ata gtt tcc cgt tct cca tct gca gcc agc aca att tca gct cac 143

Pro Ile Val Ser Arg Ser Pro Ser Ala Ala Ser Thr Ile Ser Ala His

35 40 45

tct aat ccg gtt cac tgg caa cac atg gaa acg att gaa ttg gtg aat 191

Ser Asn Pro Val His Trp Gin His Met Glu Thr Ile Glu Leu Val Asn

50 55 60

gat gga tct ggt ttg gga ttt ggc atc ata gga gga aaa gca act ggt 239

Asp Gly Ser Gly Leu Gly Phe Gly Ile Ile Gly Gly Lys Ala Thr Gly

65 70 75

gtg ata gta aaa acc att ctg cct gga gga gta gct gat cag cat ggg 287

Val Ile Val Lys Thr Ile Leu Pro Gly Gly Val Ala Asp Gln His Gly

80 85 90 95

cgt tta tgc agt gga gac cac att cta aag att ggt gac aca gat cta 335

Arg Leu Cys Ser Gly Asp His Ile Leu Lys Ile Gly Asp Thr Asp Leu

100 105 110

gca gga atg agc agt gag caa gta gca caa gtc ctt agg caa tgt gga 383

Ala Gly Met Ser Ser Glu Gln Val Ala Gln Val Leu Arg Gln Cys Gly

115 120 125

aat aga gtt aag ttg atg att gca aga agt gcc ata gaa gaa cgt aca 431

66 /160

Asn Arg Val Lys Leu Met Ile Ala Arg Ser Ala Ile Glu Glu Arg Thr

130 135 140

gca ccc act gct ttg ggc atc acc ctc tcc tca tcc cca act tca acg 479
Ala Pro Thr Ala Leu Gly Ile Thr Leu Ser Ser Ser Pro Thr Ser Thr

145 150 155

cca gag ttg cgg gtt gat gct tct act cag aaa ggt gaa gaa agt gag 527
Pro Glu Leu Arg Val Asp Ala Ser Thr Gln Lys Gly Glu Glu Ser Glu
160 165 170 175

aca ttt gat gta gaa ctc act aaa aat gtc caa gga tta gga att acc 575
Thr Phe Asp Val Glu Leu Thr Lys Asn Val Gln Gly Leu Gly Ile Thr

180 185 190

att gct ggc tac att gga gat aaa aaa ttg gaa cct tca gga atc ttt 623
Ile Ala Gly Tyr Ile Gly Asp Lys Lys Leu Glu Pro Ser Gly Ile Phe
195 200 205

gta aag agc att aca aaa agc agt gcc gtt gag cat gat gga aga atc 671
Val Lys Ser Ile Thr Lys Ser Ser Ala Val Glu His Asp Gly Arg Ile
210 215 220

caa att gga gac caa att ata gca gta gat ggc aca aac ctt cag ggt 719
Gln Ile Gly Asp Gln Ile Ile Ala Val Asp Gly Thr Asn Leu Gln Gly
225 230 235

ttt act aat cag caa gca gta gag gta ttg cga cat aca gga caa act 767

Phe Thr Asn Gln Gln Ala Val Glu Val Leu Arg His Thr Gly Gln Thr
240 245 250 255

gtg ctc ctg aca cta atg agg aga gga atg aag cag gaa gcc gag ctc 815
Val Leu Leu Thr Leu Met Arg Arg Gly Met Lys Gln Glu Ala Glu Leu
260 265 270

atg tca agg gaa gac gtc aca aaa gat gca gat ttg tct cct gtt aat 863
Met Ser Arg Glu Asp Val Thr Lys Asp Ala Asp Leu Ser Pro Val Asn
275 280 285

gcc agc ata atc aaa gaa aat tat gaa aaa gat gaa gat ttt tta tct 911
Ala Ser Ile Ile Lys Glu Asn Tyr Glu Lys Asp Glu Asp Phe Leu Ser
290 295 300

tcg acg aga aac acc aac ata tta cca act gaa gaa gaa ggg tat cca 959
Ser Thr Arg Asn Thr Asn Ile Leu Pro Thr Glu Glu Glu Gly Tyr Pro
305 310 315

tta ctg tca gct gag ata gaa gaa ata gaa gat gca caa aaa caa gaa 1007
Leu Leu Ser Ala Glu Ile Glu Glu Ile Glu Asp Ala Gln Lys Gln Glu
320 325 330 335

gct gct ctg ctg aca aaa tgg caa agg att atg gga att aac tat gaa 1055
Ala Ala Leu Leu Thr Lys Trp Gln Arg Ile Met Gly Ile Asn Tyr Glu
340 345 350

ata gtg gtg gcc cat gtg agc aag ttt agt gag aac agt gga ttg ggg 1103

Ile Val Val Ala His Val Ser Lys Phe Ser Glu Asn Ser Gly Leu Gly

355 360 365

ata agc ctg gaa gcg aca gtg gga cat cat ttt atc cga tct gtt cta 1151

Ile Ser Leu Glu Ala Thr Val Gly His His Phe Ile Arg Ser Val Leu

370 375 380

cca gag ggt cct gtt gga cac agc ggg aag ctc ttc agt gga gac gag 1199

Pro Glu Gly Pro Val Gly His Ser Gly Lys Leu Phe Ser Gly Asp Glu

385 390 395

cta ttg gaa gta aat ggc ata act tta ctt ggg gaa aat cac caa gat 1247

Leu Leu Glu Val Asn Gly Ile Thr Leu Leu Gly Glu Asn His Gln Asp

400 405 410 415

gtg gtg aat atc tta aaa gaa ctg cct ata gaa gtg aca atg gtg tgc 1295

Val Val Asn Ile Leu Lys Glu Leu Pro Ile Glu Val Thr Met Val Cys

420 425 430

tgt cgt cga act gtg cca ccc acc acc caa tca gaa ttg gat agc ctg 1343

Cys Arg Arg Thr Val Pro Pro Thr Thr Gln Ser Glu Leu Asp Ser Leu

435 440 445

gac tta tgt gat att gag cta aca gaa aag cct cac gta gat cta ggt 1391

Asp Leu Cys Asp Ile Glu Leu Thr Glu Lys Pro His Val Asp Leu Gly

450 455 460

gag ttc atc ggg tca tca gag cca gag gat cca gtg ctg gcg atg act 1439

Glu Phe Ile Gly Ser Ser Glu Pro Glu Asp Pro Val Leu Ala Met Thr

465

470

475

gat gcg ggt cag agt aca gaa gag gtt caa gca cct ttg gcc atg tgg 1487

Asp Ala Gly Gln Ser Thr Glu Glu Val Gln Ala Pro Leu Ala Met Trp

480

485

490

495

gag gct ggc att cag cac ata atg ctg gag aaa ggg agc aaa gga ctt 1535

Glu Ala Gly Ile Gln His Ile Met Leu Glu Lys Gly Ser Lys Gly Leu

500

505

510

ggt ttt agc att tta gat tat cag gat cca att gat cca gca agc act 1583

Gly Phe Ser Ile Leu Asp Tyr Gln Asp Pro Ile Asp Pro Ala Ser Thr

515

520

525

gtg att ata att cgt tct ttg gtg cct ggc ggc att gct gaa aag gat 1631

Val Ile Ile Ile Arg Ser Leu Val Pro Gly Gly Ile Ala Glu Lys Asp

530

535

540

gga cga ctt ctt cct ggt gac cga ctc atg ttt gta aac gat gtt aac 1679

Gly Arg Leu Leu Pro Gly Asp Arg Leu Met Phe Val Asn Asp Val Asn

545

550

555

ttg gaa aac agc agt ctt gag gaa gct gta gaa gca ctg aag gga gca 1727

Leu Glu Asn Ser Ser Leu Glu Glu Ala Val Glu Ala Leu Lys Gly Ala

560

565

570

575

ccg tca ggg act gtg aga ata gga gtt gct aag cct tta ccc ctt tc 1774

70 /160

Pro Ser Gly Thr Val Arg Ile Gly Val Ala Lys Pro Leu Pro Leu

580

585

590

ac

1776

<210> 76

<211> 25

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Artificially Synthesized Primer Sequence

<400> 76

gcagatggag aacggaaac tatgg

76

<210> 77

<211> 25

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Artificially Synthesized Primer Sequence

<400> 77

gaacggaaa ctatgggct gacaa

25

<210> 78

<211> 777

<212> DNA

<213> Homo sapience

<400> 78

ttctcagtca cgcatgttcca ttttaattgc tgttaatcat ttcagagaag aacactgaac 60

tttgaaaaaa atg ttg gaa gcc att gac aaa aat cgg gcc ctg cat gca 109

Met Leu Glu Ala Ile Asp Lys Asn Arg Ala Leu His Ala

1

5

10

gca gag cgc ttg caa acc aag ctg cga gaa cgt ggg gat gta gca aat 157

Ala Glu Arg Leu Gln Thr Lys Leu Arg Glu Arg Gly Asp Val Ala Asn

15

20

25

gaa gac aaa ctg agc ctt ctg aag tca gtc ctg cag agc cct ctc ttc 205

Glu Asp Lys Leu Ser Leu Leu Lys Ser Val Leu Gln Ser Pro Leu Phe

30

35

40

45

agt cag att ctg agc ctt cag act tct gta cag cag ctg aaa gac cag 253

Ser Gln Ile Leu Ser Leu Gln Thr Ser Val Gln Gln Leu Lys Asp Gln

50

55

60

gta aat att gca act tca gca act tca aat att gaa tat gcc cac gtt 301

Val Asn Ile Ala Thr Ser Ala Thr Ser Asn Ile Glu Tyr Ala His Val

65

70

75

cct cat ctc agc cca gct gtg att cct act ctg caa aat gaa tcg ttt 349
Pro His Leu Ser Pro Ala Val Ile Pro Thr Leu Gln Asn Glu Ser Phe
80 85 90

tta tta tcc cca aac aat ggg aat ctg gaa gca ctt aca gga cct ggt 397
Leu Leu Ser Pro Asn Asn Gly Asn Leu Glu Ala Leu Thr Gly Pro Gly
95 100 105

att cca cac att aat ggg aaa cct gct tgt gat gaa ttt gat cag ctt 445
Ile Pro His Ile Asn Gly Lys Pro Ala Cys Asp Glu Phe Asp Gln Leu
110 115 120 125

atc aaa aat atg gcc cag ggt cgc cat gta gaa gtt ttt gag ctc ctc 493
Ile Lys Asn Met Ala Gln Gly Arg His Val Glu Val Phe Glu Leu Leu
130 135 140

aaa cct cca tct gga ggc ctt ggg ttt agt gtt gtg gga cta aga agt 541
Lys Pro Pro Ser Gly Gly Leu Gly Phe Ser Val Val Gly Leu Arg Ser
145 150 155

gaa aac aga gga gag ctg gga ata ttt gtt caa gag ata caa gag ggc 589
Glu Asn Arg Gly Glu Leu Gly Ile Phe Val Gln Glu Ile Gln Glu Gly
160 165 170

agt gtg gcc cat aga gat gga aga ttg aaa gaa act gat caa att ctt 637
Ser Val Ala His Arg Asp Gly Arg Leu Lys Glu Thr Asp Gln Ile Leu
175 180 185

73 /160

gct atc aat gga cag gct ctt gat cag aca att aca cat cag cag gct 685

Ala Ile Asn Gly Gln Ala Leu Asp Gln Thr Ile Thr His Gln Gln Ala

190 195 200 205

atc agc atc ctg cag aaa gcc aaa gat act gtc cag cta gtt att gcc 733

Ile Ser Ile Leu Gln Lys Ala Lys Asp Thr Val Gln Leu Val Ile Ala

210 215 220

aga ggc tca ttg cct cag ctt gtc agc ccc ata gtt tcc cgt 775

Arg Gly Ser Leu Pro Gln Leu Val Ser Pro Ile Val Ser Arg

225 230 235

tc 777

<210> 79

<211> 755

<212> DNA

<213> Homo sapience

<400> 79

tt cct tct gtg cta ccc gat tca gct gga aag ggc tct gag tac ctg 47

Pro Ser Val Leu Pro Asp Ser Ala Gly Lys Gly Ser Glu Tyr Leu

1 5 10 15

ctt gaa cag agc tcc ctg gcc tgt aat gct gag tgt gtc atg ctt caa 95

Leu Glu Gln Ser Ser Leu Ala Cys Asn Ala Glu Cys Val Met Leu Gln

20 25 30

aat gta tct aaa gaa tct ttt gaa agg act att aat ata gca aaa ggc	143		
Asn Val Ser Lys Glu Ser Phe Glu Arg Thr Ile Asn Ile Ala Lys Gly			
35	40	45	
aat tct agc cta gga atg aca gtt agt gct aat aaa gat ggc ttg ggg	191		
Asn Ser Ser Leu Gly Met Thr Val Ser Ala Asn Lys Asp Gly Leu Gly			
50	55	60	
atg atc gtt cga agc att att cat gga ggt gcc att agt cga gat ggc	239		
Met Ile Val Arg Ser Ile Ile His Gly Gly Ala Ile Ser Arg Asp Gly			
65	70	75	
cgg att gcc att ggg gac tgc atc ttg tcc att aat gaa gag tct acc	287		
Arg Ile Ala Ile Gly Asp Cys Ile Leu Ser Ile Asn Glu Glu Ser Thr			
80	85	90	95
atc agt gta acc aat gcc cag gca cga gct atg ttg aga aga cat tct	335		
Ile Ser Val Thr Asn Ala Gln Ala Arg Ala Met Leu Arg Arg His Ser			
100	105	110	
ctc att ggc cct gac ata aaa att act tat gtg cct gca gaa cat ttg	383		
Leu Ile Gly Pro Asp Ile Lys Ile Thr Tyr Val Pro Ala Glu His Leu			
115	120	125	
gaa gag ttc aaa ata agc ttg gga caa caa tct gga aga gta atg gca	431		
Glu Glu Phe Lys Ile Ser Leu Gly Gln Gln Ser Gly Arg Val Met Ala			
130	135	140	

ctg gat att ttt tct tca tac act ggc aga gac att cca gaa tta cca			479
Leu Asp Ile Phe Ser Ser Tyr Thr Gly Arg Asp Ile Pro Glu Leu Pro			
145	150	155	
gag cga gaa gag gga gag ggt gaa gaa agc gaa ctt caa aac aca gca			527
Glu Arg Glu Glu Gly Glu Glu Ser Glu Leu Gln Asn Thr Ala			
160	165	170	175
tat agc aat tgg aat cag ccc agg cgg gtg gaa ctc tgg aga gaa cca			575
Tyr Ser Asn Trp Asn Gln Pro Arg Arg Val Glu Leu Trp Arg Glu Pro			
180	185	190	
agc aaa tcc tta ggc atc agc att gtt ggt gga cga ggg atg ggg agt			623
Ser Lys Ser Leu Gly Ile Ser Ile Val Gly Gly Arg Gly Met Gly Ser			
195	200	205	
cgg cta agc aat gga gaa gtg atg agg ggc att ttc atc aaa cat gtt			671
Arg Leu Ser Asn Gly Glu Val Met Arg Gly Ile Phe Ile Lys His Val			
210	215	220	
ctg gaa gat agt cca gct ggc aaa aat gga acc ttg aaa cct gga gat			719
Leu Glu Asp Ser Pro Ala Gly Lys Asn Gly Thr Leu Lys Pro Gly Asp			
225	230	235	
aga atc gta gag gca ccc agt cag tca gag tca gag			755
Arg Ile Val Glu Ala Pro Ser Gln Ser Glu Ser Glu			
240	245	250	

<210> 80

<211> 865

<212> DNA

<213> Homo sapience

<400> 80

tt cct tct gtg cta ccc gat tca gct gga aag ggc tct gag tac ctg

47

Pro Ser Val Leu Pro Asp Ser Ala Gly Lys Gly Ser Glu Tyr Leu

1

5

10

15

ctt gaa cag agc tcc ctg gcc tgt aat gct gag tgt gtc atg ctt caa

95

Leu Glu Gln Ser Ser Leu Ala Cys Asn Ala Glu Cys Val Met Leu Gln

20

25

30

aat gta tct aaa gaa tct ttt gaa agg act att aat ata gca aaa ggc

143

Asn Val Ser Lys Glu Ser Phe Glu Arg Thr Ile Asn Ile Ala Lys Gly

35

40

45

aat tct agc cta gga atg aca gtt agt gct aat aaa gat ggc ttg ggg

191

Asn Ser Ser Leu Gly Met Thr Val Ser Ala Asn Lys Asp Gly Leu Gly

50

55

60

atg atc gtt cga agc att att cat gga ggt gcc att agt cga gat ggc

239

Met Ile Val Arg Ser Ile Ile His Gly Gly Ala Ile Ser Arg Asp Gly

65

70

75

cgg att gcc att ggg gac tgc atc ttg tcc att aat gaa gag tct acc

287

77 /160

Arg Ile Ala Ile Gly Asp Cys Ile Leu Ser Ile Asn Glu Glu Ser Thr

80 85 90 95

atc agt gta acc aat gcc cag gca cga gct atg ttg aga aga cat tct 335

Ile Ser Val Thr Asn Ala Gln Ala Arg Ala Met Leu Arg Arg His Ser

100 105 110

ctc att ggc cct gac ata aaa att act tat gtg cct gca gaa cat ttg 383

Leu Ile Gly Pro Asp Ile Lys Ile Thr Tyr Val Pro Ala Glu His Leu

115 120 125

gaa gag ttc aaa ata agc ttg gga caa caa tct gga aga gta atg gca 431

Glu Glu Phe Lys Ile Ser Leu Gly Gln Gln Ser Gly Arg Val Met Ala

130 135 140

ctg gat att ttt tct tca tac act ggc aga gac att cca gaa tta cca 479

Leu Asp Ile Phe Ser Ser Tyr Thr Gly Arg Asp Ile Pro Glu Leu Pro

145 150 155

gag cga gaa gag gga gag ggt gaa gaa agc gaa ctt caa aac aca gca 527

Glu Arg Glu Glu Gly Glu Gly Glu Ser Glu Leu Gln Asn Thr Ala

160 165 170 175

tat agc aat tgg aat cag ccc agg cgg gtg gaa ctc tgg aga gaa cca 575

Tyr Ser Asn Trp Asn Gln Pro Arg Arg Val Glu Leu Trp Arg Glu Pro

180 185 190

agc aaa tcc tta ggc atc agc att gtt ggt gga cga ggg atg ggg agt 623

78 /160

Ser Lys Ser Leu Gly Ile Ser Ile Val Gly Gly Arg Gly Met Gly Ser

195

200

205

cgg cta agc aat gga gaa gtg atg agg ggc att ttc atc aaa cat gtt 671

Arg Leu Ser Asn Gly Glu Val Met Arg Gly Ile Phe Ile Lys His Val

210

215

220

ctg gaa gat agt cca gct ggc aaa aat gga acc ttg aaa cct gga gat 719

Leu Glu Asp Ser Pro Ala Gly Lys Asn Gly Thr Leu Lys Pro Gly Asp

225

230

235

aga atc gta gag gtg gat gga atg gac ctc aga gat gca agc cat gaa 767

Arg Ile Val Glu Val Asp Gly Met Asp Leu Arg Asp Ala Ser His Glu

240

245

250

255

caa gct gtg gaa gcc att cgg aaa gca ggc aac cct gta gtc ttt atg 815

Gln Ala Val Glu Ala Ile Arg Lys Ala Gly Asn Pro Val Val Phe Met

260

265

270

gta tag agc ttt att aca gac caa ggg cac cca gtc agt cag agt cag 863

Val

275

280

285

ag 865

<210> 81

<211> 965

<212> DNA

<213> Homo sapience

<400> 81

tt cct tct gtg cta ccc gat tca gct gga aag ggc tct gag tac ctg
 Pro Ser Val Leu Pro Asp Ser Ala Gly Lys Gly Ser Glu Tyr Leu
 1 5 10 15

ctt gaa cag agc tcc ctg gcc tgt aat gct gag tgt gtc atg ctt caa 95
 Leu Glu Gln Ser Ser Leu Ala Cys Asn Ala Glu Cys Val Met Leu Gln
 20 25 30

aat gta tct aaa gaa tct ttt gaa agg act att aat ata gca aaa ggc 143
Asn Val Ser Lys Glu Ser Phe Glu Arg Thr Ile Asn Ile Ala Lys Gly
35 40 45

aat tct agc cta gga atg aca gtt agt gct aat aaa gat ggc ttg ggg 191
 Asn Ser Ser Leu Gly Met Thr Val Ser Ala Asn Lys Asp Gly Leu Gly
 50 55 60

atg atc gtt cga agc att att cat gga ggt gcc att agt cga gat ggc 239
Met Ile Val Arg Ser Ile Ile His Gly Gly Ala Ile Ser Arg Asp Gly
65 70 75

atc agt gta acc aat gcc cag gca cga gct atg ttg aca aca cat tat 225

80 /160

Ile Ser Val Thr Asn Ala Gln Ala Arg Ala Met Leu Arg Arg His Ser

100

105

110

ctc att ggc cct gac ata aaa att act tat gtg cct gca gaa cat ttg 383
Leu Ile Gly Pro Asp Ile Lys Ile Thr Tyr Val Pro Ala Glu His Leu

115

120

125

gaa gag ttc aaa ata agc ttg gga caa caa tct gga aga gta atg gca 431
Glu Glu Phe Lys Ile Ser Leu Gly Gln Gln Ser Gly Arg Val Met Ala

130

135

140

ctg gat att ttt tct tca tac act ggc aga gac att cca gaa tta cca 479
Leu Asp Ile Phe Ser Ser Tyr Thr Gly Arg Asp Ile Pro Glu Leu Pro
145 150 155

gag cga gaa gag gga gag ggt gaa gaa agc gaa ctt caa aac aca gca 527
Glu Arg Glu Glu Gly Glu Gly Glu Ser Glu Leu Gln Asn Thr Ala
160 165 170 175

tat agc aat tgg aat cag ccc agg cgg gtg gaa ctc tgg aga gaa cca 575
Tyr Ser Asn Trp Asn Gln Pro Arg Arg Val Glu Leu Trp Arg Glu Pro
180 185 190

agc aaa tcc tta ggc atc agc att gtt ggt gga cga ggg atg ggg agt 623
Ser Lys Ser Leu Gly Ile Ser Ile Val Gly Gly Arg Gly Met Gly Ser
195 200 205

cgg cta agc aat gga gaa gtg atg agg ggc att ttc atc aaa cat gtt 671

Arg Leu Ser Asn Gly Glu Val Met Arg Gly Ile Phe Ile Lys His Val

210 215 220

ctg gaa gat agt cca gct ggc aaa aat gga acc ttg aaa cct gga gat
Leu Glu Asp Ser Pro Ala Gly Lys Asn Gly Thr Leu Lys Pro Gly Asp

225 230 235

aga atc gta gag gtg gat gga atg gac ctc aga gat gca agc cat gaa
Arg Ile Val Glu Val Asp Gly Met Asp Leu Arg Asp Ala Ser His Glu

240 245 250 255

caa gct gtg gaa gcc att cg^g aaa gca ggc aac cct gta gtc ttt atg
Gln Ala Val Glu Ala Ile Arg Lys Ala Gly Asn Pro Val Val Phe Met

260 265 270

gta cag agc att ata aac aga cca agg aaa tcc cct ttg cct tcc ttg
Val Gln Ser Ile Ile Asn Arg Pro Arg Lys Ser Pro Leu Pro Ser Leu

275 280 285

ctg cac aac ctt tac cct aag tac aac ttc agc agc act aac cca ttt
Leu His Asn Leu Tyr Pro Lys Tyr Asn Phe Ser Ser Thr Asn Pro Phe

290 295 300

gct gac tct cta caa atc aac gcc gac aag gca ccc agt cag tca gag
Ala Asp Ser Leu Gln Ile Asn Ala Asp Lys Ala Pro Ser Gln Ser Glu

305 310 315

tca gag 965

Ser Glu

320

<210> 82

<211> 2000

<212> PRT

<213> Homo sapience

<400> 82

Met Leu Glu Ala Ile Asp Lys Asn Arg Ala Leu His Ala

1 5 10

Ala Glu Arg Leu Gln Thr Lys Leu Arg Glu Arg Gly Asp Val Ala Asn

15 20 25

Glu Asp Lys Leu Ser Leu Leu Lys Ser Val Leu Gln Ser Pro Leu Phe

30 35 40 45

Ser Gln Ile Leu Ser Leu Gln Thr Ser Val Gln Gln Leu Lys Asp Gln

50 55 60

Val Asn Ile Ala Thr Ser Ala Thr Ser Asn Ile Glu Tyr Ala His Val

65 70 75

Pro His Leu Ser Pro Ala Val Ile Pro Thr Leu Gln Asn Glu Ser Phe

80 85 90

Leu Leu Ser Pro Asn Asn Gly Asn Leu Glu Ala Leu Thr Gly Pro Gly

95 100 105

Ile Pro His Ile Asn Gly Lys Pro Ala Cys Asp Glu Phe Asp Gln Leu

110 115 120 125

Ile Lys Asn Met Ala Gln Gly Arg His Val Glu Val Phe Glu Leu Leu

130 135 140

Lys Pro Pro Ser Gly Gly Leu Gly Phe Ser Val Val Gly Leu Arg Ser

145 150 155
Glu Asn Arg Gly Glu Leu Gly Ile Phe Val Gln Glu Ile Gln Glu Gly
160 165 170
Ser Val Ala His Arg Asp Gly Arg Leu Lys Glu Thr Asp Gln Ile Leu
175 180 185
Ala Ile Asn Gly Gln Ala Leu Asp Gln Thr Ile Thr His Gln Gln Ala
190 195 200 205
Ile Ser Ile Leu Gln Lys Ala Lys Asp Thr Val Gln Leu Val Ile Ala
210 215 220
Arg Gly Ser Leu Pro Gln Leu Val Ser Pro Ile Val Ser Arg Ser Pro
225 230 235
Ser Ala Ala Ser Thr Ile Ser Ala His Ser Asn Pro Val His Trp Gln
240 245 250
His Met Glu Thr Ile Glu Leu Val Asn Asp Gly Ser Gly Leu Gly Phe
255 260 265
Gly Ile Ile Gly Gly Lys Ala Thr Gly Val Ile Val Lys Thr Ile Leu
270 275 280 285
Pro Gly Gly Val Ala Asp Gln His Gly Arg Leu Cys Ser Gly Asp His
290 295 300
Ile Leu Lys Ile Gly Asp Thr Asp Leu Ala Gly Met Ser Ser Glu Gln
305 310 315
Val Ala Gln Val Leu Arg Gln Cys Gly Asn Arg Val Lys Leu Met Ile
320 325 330
Ala Arg Ser Ala Ile Glu Glu Arg Thr Ala Pro Thr Ala Leu Gly Ile
335 340 345
Thr Leu Ser Ser Ser Pro Thr Ser Thr Pro Glu Leu Arg Val Asp Ala
350 355 360 365
Ser Thr Gln Lys Gly Glu Glu Ser Glu Thr Phe Asp Val Glu Leu Thr

370 375 380
Lys Asn Val Gln Gly Leu Gly Ile Thr Ile Ala Gly Tyr Ile Gly Asp
385 390 395
Lys Lys Leu Glu Pro Ser Gly Ile Phe Val Lys Ser Ile Thr Lys Ser
400 405 410
Ser Ala Val Glu His Asp Gly Arg Ile Gln Ile Gly Asp Gln Ile Ile
415 420 425
Ala Val Asp Gly Thr Asn Leu Gln Gly Phe Thr Asn Gln Gln Ala Val
430 435 440 445
Glu Val Leu Arg His Thr Gly Gln Thr Val Leu Leu Thr Leu Met Arg
450 455 460
Arg Gly Met Lys Gln Glu Ala Glu Leu Met Ser Arg Glu Asp Val Thr
465 470 475
Lys Asp Ala Asp Leu Ser Pro Val Asn Ala Ser Ile Ile Lys Glu Asn
480 485 490
Tyr Glu Lys Asp Glu Asp Phe Leu Ser Ser Thr Arg Asn Thr Asn Ile
495 500 505
Leu Pro Thr Glu Glu Glu Gly Tyr Pro Leu Leu Ser Ala Glu Ile Glu
510 515 520 525
Glu Ile Glu Asp Ala Gln Lys Gln Glu Ala Ala Leu Leu Thr Lys Trp
530 535 540
Gln Arg Ile Met Gly Ile Asn Tyr Glu Ile Val Val Ala His Val Ser
545 550 555
Lys Phe Ser Glu Asn Ser Gly Leu Gly Ile Ser Leu Glu Ala Thr Val
560 565 570
Gly His His Phe Ile Arg Ser Val Leu Pro Glu Gly Pro Val Gly His
575 580 585
Ser Gly Lys Leu Phe Ser Gly Asp Glu Leu Leu Glu Val Asn Gly Ile

590 595 600 605
Thr Leu Leu Gly Glu Asn His Gln Asp Val Val Asn Ile Leu Lys Glu
610 615 620
Leu Pro Ile Glu Val Thr Met Val Cys Cys Arg Arg Thr Val Pro Pro
625 630 635
Thr Thr Gln Ser Glu Leu Asp Ser Leu Asp Leu Cys Asp Ile Glu Leu
640 645 650
Thr Glu Lys Pro His Val Asp Leu Gly Glu Phe Ile Gly Ser Ser Glu
655 660 665
Pro Glu Asp Pro Val Leu Ala Met Thr Asp Ala Gly Gln Ser Thr Glu
670 675 680 685
Glu Val Gln Ala Pro Leu Ala Met Trp Glu Ala Gly Ile Gln His Ile
690 695 700
Met Leu Glu Lys Gly Ser Lys Gly Leu Gly Phe Ser Ile Leu Asp Tyr
705 710 715
Gln Asp Pro Ile Asp Pro Ala Ser Thr Val Ile Ile Ile Arg Ser Leu
720 725 730
Val Pro Gly Gly Ile Ala Glu Lys Asp Gly Arg Leu Leu Pro Gly Asp
735 740 745
Arg Leu Met Phe Val Asn Asp Val Asn Leu Glu Asn Ser Ser Leu Glu
750 755 760 765
Glu Ala Val Glu Ala Leu Lys Gly Ala Pro Ser Gly Thr Val Arg Ile
770 775 780
Gly Val Ala Lys Pro Leu Pro Leu Ser Pro Glu Glu Gly Tyr Val Ser
785 790 795
Ala Lys Glu Asp Ser Phe Leu Tyr Pro Pro His Ser Cys Glu Glu Ala
800 805 810
Gly Leu Ala Asp Lys Pro Leu Phe Arg Ala Asp Leu Ala Leu Val Gly

815 820 825
Thr Asn Asp Ala Asp Leu Val Asp Glu Ser Thr Phe Glu Ser Pro Tyr
830 835 840 845
Ser Pro Glu Asn Asp Ser Ile Tyr Ser Thr Gln Ala Ser Ile Leu Ser
850 855 860
Leu His Gly Ser Ser Cys Gly Asp Gly Leu Asn Tyr Gly Ser Ser Leu
865 870 875
Pro Ser Ser Pro Pro Lys Asp Val Ile Glu Asn Ser Cys Asp Pro Val
880 885 890
Leu Asp Leu His Met Ser Leu Glu Glu Leu Tyr Thr Gln Asn Leu Leu
895 900 905
Glu Arg Gln Asp Glu Asn Thr Pro Ser Val Asp Ile Ser Met Gly Pro
910 915 920 925
Ala Ser Gly Phe Thr Ile Asn Asp Tyr Thr Pro Ala Asn Ala Ile Glu
930 935 940
Gln Gln Tyr Glu Cys Glu Asn Thr Ile Val Trp Thr Glu Ser His Leu
945 950 955
Pro Ser Glu Val Ile Ser Ser Ala Glu Leu Pro Ser Val Leu Pro Asp
960 965 970
Ser Ala Gly Lys Gly Ser Glu His Leu Leu Glu Gln Ser Ser Leu Ala
975 980 985
Cys Asn Ala Glu Cys Val Met Leu Gln Asn Val Ser Lys Glu Ser Phe
990 995 1000 1005
Glu Arg Thr Ile Asn Ile Ala Lys Gly Asn Ser Ser Leu Gly Met Thr
1010 1015 1020
Val Ser Ala Asn Lys Asp Gly Leu Gly Met Ile Val Arg Ser Ile Ile
1025 1030 1035
His Gly Gly Ala Ile Ser Arg Asp Gly Arg Ile Ala Ile Gly Asp Cys

1040 1045 1050
Ile Leu Ser Ile Asn Glu Glu Ser Thr Ile Ser Val Thr Asn Ala Gln
1055 1060 1065
Ala Arg Ala Met Leu Arg Arg His Ser Leu Ile Gly Pro Asp Ile Lys
1070 1075 1080 1085
Ile Thr Tyr Val Pro Ala Glu His Leu Glu Glu Phe Lys Ile Ser Leu
1090 1095 1100
Gly Gln Gln Ser Gly Arg Val Met Ala Leu Asp Ile Phe Ser Ser Tyr
1105 1110 1115
Thr Gly Arg Asp Ile Pro Glu Leu Pro Glu Arg Glu Glu Gly Glu Gly
1120 1125 1130
Glu Glu Ser Glu Leu Gln Asn Thr Ala Tyr Ser Asn Trp Asn Gln Pro
1135 1140 1145
Arg Arg Val Glu Leu Trp Arg Glu Pro Ser Lys Ser Leu Gly Ile Ser
1150 1155 1160 1165
Ile Val Gly Gly Arg Gly Met Gly Ser Arg Leu Ser Asn Gly Glu Val
1170 1175 1180
Met Arg Gly Ile Phe Ile Lys His Val Leu Glu Asp Ser Pro Ala Gly
1185 1190 1195
Lys Asn Gly Thr Leu Lys Pro Gly Asp Arg Ile Val Glu Ala Pro Ser
1200 1205 1210
Gln Ser Glu Ser Glu Pro Glu Lys Ala Pro Leu Cys Ser Val Pro Pro
1215 1220 1225
Pro Pro Pro Ser Ala Phe Ala Glu Met Gly Ser Asp His Thr Gln Ser
1230 1235 1240 1245
Ser Ala Ser Lys Ile Ser Gln Asp Val Asp Lys Glu Asp Glu Phe Gly
1250 1255 1260
Tyr Ser Trp Lys Asn Ile Arg Glu Arg Tyr Gly Thr Leu Thr Gly Glu

1265 1270 1275
Leu His Met Ile Glu Leu Glu Lys Gly His Ser Gly Leu Gly Leu Ser
1280 1285 1290
Leu Ala Gly Asn Lys Asp Arg Ser Arg Met Ser Val Phe Ile Val Gly
1295 1300 1305
Ile Asp Pro Asn Gly Ala Ala Gly Lys Asp Gly Arg Leu Gln Ile Ala
1310 1315 1320 1325
Asp Glu Leu Leu Glu Ile Asn Gly Gln Ile Leu Tyr Gly Arg Ser His
1330 1335 1340
Gln Asn Ala Ser Ser Ile Ile Lys Cys Ala Pro Ser Lys Val Lys Ile
1345 1350 1355
Ile Phe Ile Arg Asn Lys Asp Ala Val Asn Gln Met Ala Val Cys Pro
1360 1365 1370
Gly Asn Ala Val Glu Pro Leu Pro Ser Asn Ser Glu Asn Leu Gln Asn
1375 1380 1385
Lys Glu Thr Glu Pro Thr Val Thr Thr Ser Asp Ala Ala Val Asp Leu
1390 1395 1400 1405
Ser Ser Phe Lys Asn Val Gln His Leu Glu Leu Pro Lys Asp Gln Gly
1410 1415 1420
Gly Leu Gly Ile Ala Ile Ser Glu Glu Asp Thr Leu Ser Gly Val Ile
1425 1430 1435
Ile Lys Ser Leu Thr Glu His Gly Val Ala Ala Thr Asp Gly Arg Leu
1440 1445 1450
Lys Val Gly Asp Gln Ile Leu Ala Val Asp Asp Glu Ile Val Val Gly
1455 1460 1465
Tyr Pro Ile Glu Lys Phe Ile Ser Leu Leu Lys Thr Ala Lys Met Thr
1470 1475 1480 1485
Val Lys Leu Thr Ile His Ala Glu Asn Pro Asp Ser Gln Ala Val Pro

1490. 1495 1500
Ser Ala Ala Gly Ala Ala Ser Gly Glu Lys Lys Asn Ser Ser Gln Ser
1505 1510 1515
Leu Met Val Pro Gln Ser Gly Ser Pro Glu Pro Glu Ser Ile Arg Asn
1520 1525 1530
Thr Ser Arg Ser Ser Thr Pro Ala Ile Phe Ala Ser Asp Pro Ala Thr
1535 1540 1545
Cys Pro Ile Ile Pro Gly Cys Glu Thr Thr Ile Glu Ile Ser Lys Gly
1550 1555 1560 1565
Arg Thr Gly Leu Gly Leu Ser Ile Val Gly Gly Ser Asp Thr Leu Leu
1570 1575 1580
Gly Ala Phe Ile Ile His Glu Val Tyr Glu Glu Gly Ala Ala Cys Lys
1585 1590 1595
Asp Gly Arg Leu Trp Ala Gly Asp Gln Ile Leu Glu Val Asn Gly Ile
1600 1605 1610
Asp Leu Arg Lys Ala Thr His Asp Glu Ala Ile Asn Val Leu Arg Gln
1615 1620 1625
Thr Pro Gln Arg Val Arg Leu Thr Leu Tyr Arg Asp Glu Ala Pro Tyr
1630 1635 1640 1645
Lys Glu Glu Glu Val Cys Asp Thr Leu Thr Ile Glu Leu Gln Lys Lys
1650 1655 1660
Pro Gly Lys Gly Leu Gly Leu Ser Ile Val Gly Lys Arg Asn Asp Thr
1665 1670 1675
Gly Val Phe Val Ser Asp Ile Val Lys Gly Gly Ile Ala Asp Pro Asp
1680 1685 1690
Gly Arg Leu Ile Gln Gly Asp Gln Ile Leu Leu Val Asn Gly Glu Asp
1695 1700 1705
Val Arg Asn Ala Ser Gln Glu Ala Val Ala Leu Leu Lys Cys Ser

1710 1715 1720 1725
Leu Gly Thr Val Thr Leu Glu Val Gly Arg Ile Lys Ala Gly Pro Phe
1730 1735 1740
His Ser Glu Arg Arg Pro Ser Gln Thr Ser Gln Val Ser Glu Gly Ser
1745 1750 1755
Leu Ser Ser Phe Thr Phe Pro Leu Ser Gly Ser Ser Thr Ser Glu Ser
1760 1765 1770
Leu Glu Ser Ser Ser Lys Lys Asn Ala Leu Ala Ser Glu Ile Gln Gly
1775 1780 1785
Leu Arg Thr Val Glu Met Lys Lys Gly Pro Thr Asp Ser Leu Gly Ile
1790 1795 1800 1805
Ser Ile Ala Gly Gly Val Gly Ser Pro Leu Gly Asp Val Pro Ile Phe
1810 1815 1820
Ile Ala Met Met His Pro Thr Gly Val Ala Ala Gln Thr Gln Lys Leu
1825 1830 1835
Arg Val Gly Asp Arg Ile Val Thr Ile Cys Gly Thr Ser Thr Glu Gly
1840 1845 1850
Met Thr His Thr Gln Ala Val Asn Leu Leu Lys Asn Ala Ser Gly Ser
1855 1860 1865
Ile Glu Met Gln Val Val Ala Gly Gly Asp Val Ser Val Val Thr Gly
1870 1875 1880 1885
His His Gln Glu Pro Ala Ser Ser Leu Ser Phe Thr Gly Leu Thr
1890 1895 1900
Ser Thr Ser Ile Phe Gln Asp Asp Leu Gly Pro Pro Gln Cys Lys Ser
1905 1910 1915
Ile Thr Leu Glu Arg Gly Pro Asp Gly Leu Gly Phe Ser Ile Val Gly
1920 1925 1930
Gly Tyr Gly Ser Pro His Gly Asp Leu Pro Ile Tyr Val Lys Thr Val

1935	1940	1945
Phe Ala Lys Gly Ala Ala Ser Glu Asp Gly Arg Leu Lys Arg Gly Asp		
1950	1955	1960
Gln Ile Ile Ala Val Asn Gly Gln Ser Leu Glu Gly Val Thr His Glu		
1970	1975	1980
Glu Ala Val Ala Ile Leu Lys Arg Thr Lys Gly Thr Val Thr Leu Met		
1985	1990	1995
Val Leu Ser		
2000		

<210> 83

<211> 2070

<212> PRT

<213> Homo sapience

<400> 83

Met Leu Glu Ala Ile Asp Lys Asn Arg Ala Leu His Ala		
1	5	10
Ala Glu Arg Leu Gln Thr Lys Leu Arg Glu Arg Gly Asp Val Ala Asn		
15	20	25
Glu Asp Lys Leu Ser Leu Leu Lys Ser Val Leu Gln Ser Pro Leu Phe		
30	35	40
Ser Gln Ile Leu Ser Leu Gln Thr Ser Val Gln Gln Leu Lys Asp Gln		
50	55	60
Val Asn Ile Ala Thr Ser Ala Thr Ser Asn Ile Glu Tyr Ala His Val		
65	70	75
Pro His Leu Ser Pro Ala Val Ile Pro Thr Leu Gln Asn Glu Ser Phe		
80	85	90

Leu Leu Ser Pro Asn Asn Gly Asn Leu Glu Ala Leu Thr Gly Pro Gly
95 100 105
Ile Pro His Ile Asn Gly Lys Pro Ala Cys Asp Glu Phe Asp Gln Leu
110 115 120 125
Ile Lys Asn Met Ala Gln Gly Arg His Val Glu Val Phe Glu Leu Leu
130 135 140
Lys Pro Pro Ser Gly Gly Leu Gly Phe Ser Val Val Gly Leu Arg Ser
145 150 155
Glu Asn Arg Gly Glu Leu Gly Ile Phe Val Gln Glu Ile Gln Glu Gly
160 165 170
Ser Val Ala His Arg Asp Gly Arg Leu Lys Glu Thr Asp Gln Ile Leu
175 180 185
Ala Ile Asn Gly Gln Ala Leu Asp Gln Thr Ile Thr His Gln Gln Ala
190 195 200 205
Ile Ser Ile Leu Gln Lys Ala Lys Asp Thr Val Gln Leu Val Ile Ala
210 215 220
Arg Gly Ser Leu Pro Gln Leu Val Ser Pro Ile Val Ser Arg Ser Pro
225 230 235
Ser Ala Ala Ser Thr Ile Ser Ala His Ser Asn Pro Val His Trp Gln
240 245 250
His Met Glu Thr Ile Glu Leu Val Asn Asp Gly Ser Gly Leu Gly Phe
255 260 265
Gly Ile Ile Gly Gly Lys Ala Thr Gly Val Ile Val Lys Thr Ile Leu
270 275 280 285
Pro Gly Gly Val Ala Asp Gln His Gly Arg Leu Cys Ser Gly Asp His
290 295 300
Ile Leu Lys Ile Gly Asp Thr Asp Leu Ala Gly Met Ser Ser Glu Gln
305 310 315

Val Ala Gln Val Leu Arg Gln Cys Gly Asn Arg Val Lys Leu Met Ile
320 325 330
Ala Arg Ser Ala Ile Glu Glu Arg Thr Ala Pro Thr Ala Leu Gly Ile
335 340 345
Thr Leu Ser Ser Ser Pro Thr Ser Thr Pro Glu Leu Arg Val Asp Ala
350 355 360 365
Ser Thr Gln Lys Gly Glu Glu Ser Glu Thr Phe Asp Val Glu Leu Thr
370 375 380
Lys Asn Val Gln Gly Leu Gly Ile Thr Ile Ala Gly Tyr Ile Gly Asp
385 390 395
Lys Lys Leu Glu Pro Ser Gly Ile Phe Val Lys Ser Ile Thr Lys Ser
400 405 410
Ser Ala Val Glu His Asp Gly Arg Ile Gln Ile Gly Asp Gln Ile Ile
415 420 425
Ala Val Asp Gly Thr Asn Leu Gln Gly Phe Thr Asn Gln Gln Ala Val
430 435 440 445
Glu Val Leu Arg His Thr Gly Gln Thr Val Leu Leu Thr Leu Met Arg
450 455 460
Arg Gly Met Lys Gln Glu Ala Glu Leu Met Ser Arg Glu Asp Val Thr
465 470 475
Lys Asp Ala Asp Leu Ser Pro Val Asn Ala Ser Ile Ile Lys Glu Asn
480 485 490
Tyr Glu Lys Asp Glu Asp Phe Leu Ser Ser Thr Arg Asn Thr Asn Ile
495 500 505
Leu Pro Thr Glu Glu Glu Gly Tyr Pro Leu Leu Ser Ala Glu Ile Glu
510 515 520 525
Glu Ile Glu Asp Ala Gln Lys Gln Glu Ala Ala Leu Leu Thr Lys Trp
530 535 540

Gln Arg Ile Met Gly Ile Asn Tyr Glu Ile Val Val Ala His Val Ser
545 550 555
Lys Phe Ser Glu Asn Ser Gly Leu Gly Ile Ser Leu Glu Ala Thr Val
560 565 570
Gly His His Phe Ile Arg Ser Val Leu Pro Glu Gly Pro Val Gly His
575 580 585
Ser Gly Lys Leu Phe Ser Gly Asp Glu Leu Leu Glu Val Asn Gly Ile
590 595 600 605
Thr Leu Leu Gly Glu Asn His Gln Asp Val Val Asn Ile Leu Lys Glu
610 615 620
Leu Pro Ile Glu Val Thr Met Val Cys Cys Arg Arg Thr Val Pro Pro
625 630 635
Thr Thr Gln Ser Glu Leu Asp Ser Leu Asp Leu Cys Asp Ile Glu Leu
640 645 650
Thr Glu Lys Pro His Val Asp Leu Gly Glu Phe Ile Gly Ser Ser Glu
655 660 665
Pro Glu Asp Pro Val Leu Ala Met Thr Asp Ala Gly Gln Ser Thr Glu
670 675 680 685
Glu Val Gln Ala Pro Leu Ala Met Trp Glu Ala Gly Ile Gln His Ile
690 695 700
Met Leu Glu Lys Gly Ser Lys Gly Leu Gly Phe Ser Ile Leu Asp Tyr
705 710 715
Gln Asp Pro Ile Asp Pro Ala Ser Thr Val Ile Ile Arg Ser Leu
720 725 730
Val Pro Gly Gly Ile Ala Glu Lys Asp Gly Arg Leu Leu Pro Gly Asp
735 740 745
Arg Leu Met Phe Val Asn Asp Val Asn Leu Glu Asn Ser Ser Leu Glu
750 755 760 765

Glu Ala Val Glu Ala Leu Lys Gly Ala Pro Ser Gly Thr Val Arg Ile
770 775 780
Gly Val Ala Lys Pro Leu Pro Leu Ser Pro Glu Glu Gly Tyr Val Ser
785 790 795
Ala Lys Glu Asp Ser Phe Leu Tyr Pro Pro His Ser Cys Glu Glu Ala
800 805 810
Gly Leu Ala Asp Lys Pro Leu Phe Arg Ala Asp Leu Ala Leu Val Gly
815 820 825
Thr Asn Asp Ala Asp Leu Val Asp Glu Ser Thr Phe Glu Ser Pro Tyr
830 835 840 845
Ser Pro Glu Asn Asp Ser Ile Tyr Ser Thr Gln Ala Ser Ile Leu Ser
850 855 860
Leu His Gly Ser Ser Cys Gly Asp Gly Leu Asn Tyr Gly Ser Ser Leu
865 870 875
Pro Ser Ser Pro Pro Lys Asp Val Ile Glu Asn Ser Cys Asp Pro Val
880 885 890
Leu Asp Leu His Met Ser Leu Glu Glu Leu Tyr Thr Gln Asn Leu Leu
895 900 905
Glu Arg Gln Asp Glu Asn Thr Pro Ser Val Asp Ile Ser Met Gly Pro
910 915 920 925
Ala Ser Gly Phe Thr Ile Asn Asp Tyr Thr Pro Ala Asn Ala Ile Glu
930 935 940
Gln Gln Tyr Glu Cys Glu Asn Thr Ile Val Trp Thr Glu Ser His Leu
945 950 955
Pro Ser Glu Val Ile Ser Ser Ala Glu Leu Pro Ser Val Leu Pro Asp
960 965 970
Ser Ala Gly Lys Gly Ser Glu Tyr Leu Leu Glu Gln Ser Ser Leu Ala
975 980 985

Cys Asn Ala Glu Cys Val Met Leu Gln Asn Val Ser Lys Glu Ser Phe
990 995 1000 1005
Glu Arg Thr Ile Asn Ile Ala Lys Gly Asn Ser Ser Leu Gly Met Thr
1010 1015 1020
Val Ser Ala Asn Lys Asp Gly Leu Gly Met Ile Val Arg Ser Ile Ile
1025 1030 1035
His Gly Gly Ala Ile Ser Arg Asp Gly Arg Ile Ala Ile Gly Asp Cys
1040 1045 1050
Ile Leu Ser Ile Asn Glu Glu Ser Thr Ile Ser Val Thr Asn Ala Gln
1055 1060 1065
Ala Arg Ala Met Leu Arg Arg His Ser Leu Ile Gly Pro Asp Ile Lys
1070 1075 1080 1085
Ile Thr Tyr Val Pro Ala Glu His Leu Glu Glu Phe Lys Ile Ser Leu
1090 1095 1100
Gly Gln Gln Ser Gly Arg Val Met Ala Leu Asp Ile Phe Ser Ser Tyr
1105 1110 1115
Thr Gly Arg Asp Ile Pro Glu Leu Pro Glu Arg Glu Glu Gly Glu Gly
1120 1125 1130
Glu Glu Ser Glu Leu Gln Asn Thr Ala Tyr Ser Asn Trp Asn Gln Pro
1135 1140 1145
Arg Arg Val Glu Leu Trp Arg Glu Pro Ser Lys Ser Leu Gly Ile Ser
1150 1155 1160 1165
Ile Val Gly Gly Arg Gly Met Gly Ser Arg Leu Ser Asn Gly Glu Val
1170 1175 1180
Met Arg Gly Ile Phe Ile Lys His Val Leu Glu Asp Arg Pro Ala Gly
1185 1190 1195
Lys Asn Gly Thr Leu Lys Pro Gly Asp Arg Ile Val Glu Val Asp Gly
1200 1205 1210

Met Asp Leu Arg Asp Ala Ser His Glu Gln Ala Val Glu Ala Ile Arg
1215 1220 1225
Lys Ala Gly Asn Pro Val Val Phe Met Val Gln Ser Ile Ile Asn Arg
1230 1235 1240 1245
Pro Arg Lys Ser Pro Leu Pro Ser Leu Leu His Asn Leu Tyr Pro Lys
1250 1255 1260
Tyr Asn Phe Ser Ser Thr Asn Pro Phe Ala Asp Ser Leu Gln Ile Asn
1265 1270 1275
Ala Asp Lys Ala Pro Ser Gln Ser Glu Ser Glu Pro Glu Lys Ala Pro
1280 1285 1290
Leu Cys Ser Val Pro Pro Pro Pro Ser Ala Phe Ala Glu Met Gly
1295 1300 1305
Ser Asp His Thr Gln Ser Ser Ala Ser Lys Ile Ser Gln Asp Val Asp
1310 1315 1320 1325
Lys Glu Asp Glu Phe Gly Tyr Ser Trp Lys Asn Ile Arg Glu Arg Tyr
1330 1335 1340
Gly Thr Leu Thr Gly Glu Leu His Met Ile Glu Leu Glu Lys Gly His
1345 1350 1355
Ser Gly Leu Gly Leu Ser Leu Ala Gly Asn Lys Asp Arg Ser Arg Met
1360 1365 1370
Ser Val Phe Ile Val Gly Ile Asp Pro Asn Gly Ala Ala Gly Lys Asp
1375 1380 1385
Gly Arg Leu Gln Ile Ala Asp Glu Leu Leu Glu Ile Asn Gly Gln Ile
1390 1395 1400 1405
Leu Tyr Gly Arg Ser His Gln Asn Ala Ser Ser Ile Ile Lys Cys Ala
1410 1415 1420
Pro Ser Lys Val Lys Ile Ile Phe Ile Arg Asn Lys Asp Ala Val Asn
1425 1430 1435

Gln Met Ala Val Cys Pro Gly Asn Ala Val Glu Pro Leu Pro Ser Asn
1440 1445 1450
Ser Glu Asn Leu Gln Asn Lys Glu Thr Glu Pro Thr Val Thr Thr Ser
1455 1460 1465
Asp Ala Ala Val Asp Leu Ser Ser Phe Lys Asn Val Gln His Leu Glu
1470 1475 1480 1485
Leu Pro Lys Asp Gln Gly Gly Leu Gly Ile Ala Ile Ser Glu Glu Asp
1490 1495 1500
Thr Leu Ser Gly Val Ile Ile Lys Ser Leu Thr Glu His Gly Val Ala
1505 1510 1515
Ala Thr Asp Gly Arg Leu Lys Val Gly Asp Gln Ile Leu Ala Val Asp
1520 1525 1530
Asp Glu Ile Val Val Gly Tyr Pro Ile Glu Lys Phe Ile Ser Leu Leu
1535 1540 1545
Lys Thr Ala Lys Met Thr Val Lys Leu Thr Ile His Ala Glu Asn Pro
1550 1555 1560 1565
Asp Ser Gln Ala Val Pro Ser Ala Ala Gly Ala Ala Ser Gly Glu Lys
1570 1575 1580
Lys Asn Ser Ser Gln Ser Leu Met Val Pro Gln Ser Gly Ser Pro Glu
1585 1590 1595
Pro Glu Ser Ile Arg Asn Thr Ser Arg Ser Ser Thr Pro Ala Ile Phe
1600 1605 1610
Ala Ser Asp Pro Ala Thr Cys Pro Ile Ile Pro Gly Cys Glu Thr Thr
1615 1620 1625
Ile Glu Ile Ser Lys Gly Arg Thr Gly Leu Gly Leu Ser Ile Val Gly
1630 1635 1640 1645
Gly Ser Asp Thr Leu Leu Gly Ala Phe Ile Ile His Glu Val Tyr Glu
1650 1655 1660

Glu Gly Ala Ala Cys Lys Asp Gly Arg Leu Trp Ala Gly Asp Gln Ile
1665 1670 1675
Leu Glu Val Asn Gly Ile Asp Leu Arg Lys Ala Thr His Asp Glu Ala
1680 1685 1690
Ile Asn Val Leu Arg Gln Thr Pro Gln Arg Val Arg Leu Thr Leu Tyr
1695 1700 1705
Arg Asp Glu Ala Pro Tyr Lys Glu Glu Val Cys Asp Thr Leu Thr
1710 1715 1720 1725
Ile Glu Leu Gln Lys Lys Pro Gly Lys Gly Leu Gly Leu Ser Ile Val
1730 1735 1740
Gly Lys Arg Asn Asp Thr Gly Val Phe Val Ser Asp Ile Val Lys Gly
1745 1750 1755
Gly Ile Ala Asp Pro Asp Gly Arg Leu Ile Gln Gly Asp Gln Ile Leu
1760 1765 1770
Leu Val Asn Gly Glu Asp Val Arg Asn Ala Ser Gln Glu Ala Val Ala
1775 1780 1785
Ala Leu Leu Lys Cys Ser Leu Gly Thr Val Thr Leu Glu Val Gly Arg
1790 1795 1800 1805
Ile Lys Ala Gly Pro Phe His Ser Glu Arg Arg Pro Ser Gln Thr Ser
1810 1815 1820
Gln Val Ser Glu Gly Ser Leu Ser Ser Phe Thr Phe Pro Leu Ser Gly
1825 1830 1835
Ser Ser Thr Ser Glu Ser Leu Glu Ser Ser Ser Lys Lys Asn Ala Leu
1840 1845 1850
Ala Ser Glu Ile Gln Gly Leu Arg Thr Val Glu Met Lys Lys Gly Pro
1855 1860 1865
Thr Asp Ser Leu Gly Ile Ser Ile Ala Gly Gly Val Gly Ser Pro Leu
1870 1875 1880 1885

100 /160

Gly Asp Val Pro Ile Phe Ile Ala Met Met His Pro Thr Gly Val Ala
1890 1895 1900
Ala Gln Thr Gln Lys Leu Arg Val Gly Asp Arg Ile Val Thr Ile Cys
1905 1910 1915
Gly Thr Ser Thr Glu Gly Met Thr His Thr Gln Ala Val Asn Leu Leu
1920 1925 1930
Lys Asn Ala Ser Gly Ser Ile Glu Met Gln Val Val Ala Gly Gly Asp
1935 1940 1945
Val Ser Val Val Thr Gly His His Gln Glu Pro Ala Ser Ser Ser Leu
1950 1955 1960 1965
Ser Phe Thr Gly Leu Thr Ser Thr Ser Ile Phe Gln Asp Asp Leu Gly
1970 1975 1980
Pro Pro Gln Cys Lys Ser Ile Thr Leu Glu Arg Gly Pro Asp Gly Leu
1985 1990 1995
Gly Phe Ser Ile Val Gly Gly Tyr Gly Ser Pro His Gly Asp Leu Pro
2000 2005 2010
Ile Tyr Val Lys Thr Val Phe Ala Lys Gly Ala Ala Ser Glu Asp Gly
2015 2020 2025
Arg Leu Lys Arg Gly Asp Gln Ile Ile Ala Val Asn Gly Gln Ser Leu
2030 2035 2040 2045
Glu Gly Val Thr His Glu Glu Ala Val Ala Ile Leu Lys Arg Thr Lys
2050 2055 2060
Gly Thr Val Thr Leu Met Val Leu Ser
2065 2070

<210> 84

<211> 1239

<212> PRT

101 /160

<213> Homo sapience

<400> 84

Met Leu Glu Ala Ile Asp Lys Asn Arg Ala Leu His Ala
1 5 10

Ala Glu Arg Leu Gln Thr Lys Leu Arg Glu Arg Gly Asp Val Ala Asn
15 20 25

Glu Asp Lys Leu Ser Leu Leu Lys Ser Val Leu Gln Ser Pro Leu Phe
30 35 40 45

Ser Gln Ile Leu Ser Leu Gln Thr Ser Val Gln Gln Leu Lys Asp Gln
50 55 60

Val Asn Ile Ala Thr Ser Ala Thr Ser Asn Ile Glu Tyr Ala His Val
65 70 75

Pro His Leu Ser Pro Ala Val Ile Pro Thr Leu Gln Asn Glu Ser Phe
80 85 90

Leu Leu Ser Pro Asn Asn Gly Asn Leu Glu Ala Leu Thr Gly Pro Gly
95 100 105

Ile Pro His Ile Asn Gly Lys Pro Ala Cys Asp Glu Phe Asp Gln Leu
110 115 120 125

Ile Lys Asn Met Ala Gln Gly Arg His Val Glu Val Phe Glu Leu Leu
130 135 140

Lys Pro Pro Ser Gly Gly Leu Gly Phe Ser Val Val Gly Leu Arg Ser
145 150 155

Glu Asn Arg Gly Glu Leu Gly Ile Phe Val Gln Glu Ile Gln Glu Gly
160 165 170

Ser Val Ala His Arg Asp Gly Arg Leu Lys Glu Thr Asp Gln Ile Leu
175 180 185

Ala Ile Asn Gly Gln Ala Leu Asp Gln Thr Ile Thr His Gln Gln Ala

190 195 200 205
Ile Ser Ile Leu Gln Lys Ala Lys Asp Thr Val Gln Leu Val Ile Ala
210 215 220
Arg Gly Ser Leu Pro Gln Leu Val Ser Pro Ile Val Ser Arg Ser Pro
225 230 235
Ser Ala Ala Ser Thr Ile Ser Ala His Ser Asn Pro Val His Trp Gln
240 245 250
His Met Glu Thr Ile Glu Leu Val Asn Asp Gly Ser Gly Leu Gly Phe
255 260 265
Gly Ile Ile Gly Gly Lys Ala Thr Gly Val Ile Val Lys Thr Ile Leu
270 275 280 285
Pro Gly Gly Val Ala Asp Gln His Gly Arg Leu Cys Ser Gly Asp His
290 295 300
Ile Leu Lys Ile Gly Asp Thr Asp Leu Ala Gly Met Ser Ser Glu Gln
305 310 315
Val Ala Gln Val Leu Arg Gln Cys Gly Asn Arg Val Lys Leu Met Ile
320 325 330
Ala Arg Ser Ala Ile Glu Glu Arg Thr Ala Pro Thr Ala Leu Gly Ile
335 340 345
Thr Leu Ser Ser Ser Pro Thr Ser Thr Pro Glu Leu Arg Val Asp Ala
350 355 360 365
Ser Thr Gln Lys Gly Glu Glu Ser Glu Thr Phe Asp Val Glu Leu Thr
370 375 380
Lys Asn Val Gln Gly Leu Gly Ile Thr Ile Ala Gly Tyr Ile Gly Asp
385 390 395
Lys Lys Leu Glu Pro Ser Gly Ile Phe Val Lys Ser Ile Thr Lys Ser
400 405 410
Ser Ala Val Glu His Asp Gly Arg Ile Gln Ile Gly Asp Gln Ile Ile

415 420 425
Ala Val Asp Gly Thr Asn Leu Gln Gly Phe Thr Asn Gln Gln Ala Val
430 435 440 445
Glu Val Leu Arg His Thr Gly Gln Thr Val Leu Leu Thr Leu Met Arg
450 455 460
Arg Gly Met Lys Gln Glu Ala Glu Leu Met Ser Arg Glu Asp Val Thr
465 470 475
Lys Asp Ala Asp Leu Ser Pro Val Asn Ala Ser Ile Ile Lys Glu Asn
480 485 490
Tyr Glu Lys Asp Glu Asp Phe Leu Ser Ser Thr Arg Asn Thr Asn Ile
495 500 505
Leu Pro Thr Glu Glu Glu Gly Tyr Pro Leu Leu Ser Ala Glu Ile Glu
510 515 520 525
Glu Ile Glu Asp Ala Gln Lys Gln Glu Ala Ala Leu Leu Thr Lys Trp
530 535 540
Gln Arg Ile Met Gly Ile Asn Tyr Glu Ile Val Val Ala His Val Ser
545 550 555
Lys Phe Ser Glu Asn Ser Gly Leu Gly Ile Ser Leu Glu Ala Thr Val
560 565 570
Gly His His Phe Ile Arg Ser Val Leu Pro Glu Gly Pro Val Gly His
575 580 585
Ser Gly Lys Leu Phe Ser Gly Asp Glu Leu Leu Glu Val Asn Gly Ile
590 595 600 605
Thr Leu Leu Gly Glu Asn His Gln Asp Val Val Asn Ile Leu Lys Glu
610 615 620
Leu Pro Ile Glu Val Thr Met Val Cys Cys Arg Arg Thr Val Pro Pro
625 630 635
Thr Thr Gln Ser Glu Leu Asp Ser Leu Asp Leu Cys Asp Ile Glu Leu

640 645 650
Thr Glu Lys Pro His Val Asp Leu Gly Glu Phe Ile Gly Ser Ser Glu
655 660 665
Pro Glu Asp Pro Val Leu Ala Met Thr Asp Ala Gly Gln Ser Thr Glu
670 675 680 685
Glu Val Gln Ala Pro Leu Ala Met Trp Glu Ala Gly Ile Gln His Ile
690 695 700
Met Leu Glu Lys Gly Ser Lys Gly Leu Gly Phe Ser Ile Leu Asp Tyr
705 710 715
Gln Asp Pro Ile Asp Pro Ala Ser Thr Val Ile Ile Arg Ser Leu
720 725 730
Val Pro Gly Gly Ile Ala Glu Lys Asp Gly Arg Leu Leu Pro Gly Asp
735 740 745
Arg Leu Met Phe Val Asn Asp Val Asn Leu Glu Asn Ser Ser Leu Glu
750 755 760 765
Glu Ala Val Glu Ala Leu Lys Gly Ala Pro Ser Gly Thr Val Arg Ile
770 775 780
Gly Val Ala Lys Pro Leu Pro Leu Ser Pro Glu Glu Gly Tyr Val Ser
785 790 795
Ala Lys Glu Asp Ser Phe Leu Tyr Pro Pro His Ser Cys Glu Glu Ala
800 805 810
Gly Leu Ala Asp Lys Pro Leu Phe Arg Ala Asp Leu Ala Leu Val Gly
815 820 825
Thr Asn Asp Ala Asp Leu Val Asp Glu Ser Thr Phe Glu Ser Pro Tyr
830 835 840 845
Ser Pro Glu Asn Asp Ser Ile Tyr Ser Thr Gln Ala Ser Ile Leu Ser
850 855 860
Leu His Gly Ser Ser Cys Gly Asp Gly Leu Asn Tyr Gly Ser Ser Leu

865 870 875
Pro Ser Ser Pro Pro Lys Asp Val Ile Glu Asn Ser Cys Asp Pro Val
880 885 890
Leu Asp Leu His Met Ser Leu Glu Glu Leu Tyr Thr Gln Asn Leu Leu
895 900 905
Glu Arg Gln Asp Glu Asn Thr Pro Ser Val Asp Ile Ser Met Gly Pro
910 915 920 925
Ala Ser Gly Phe Thr Ile Asn Asp Tyr Thr Pro Ala Asn Ala Ile Glu
930 935 940
Gln Gln Tyr Glu Cys Glu Asn Thr Ile Val Trp Thr Glu Ser His Leu
945 950 955
Pro Ser Glu Val Ile Ser Ser Ala Glu Leu Pro Ser Val Leu Pro Asp
960 965 970
Ser Ala Gly Lys Gly Ser Glu His Leu Leu Glu Gln Ser Ser Leu Ala
975 980 985
Cys Asn Ala Glu Cys Val Met Leu Gln Asn Val Ser Lys Glu Ser Phe
990 995 1000 1005
Glu Arg Thr Ile Asn Ile Ala Lys Gly Asn Ser Ser Leu Gly Met Thr
1010 1015 1020
Val Ser Ala Asn Lys Asp Gly Leu Gly Met Ile Val Arg Ser Ile Ile
1025 1030 1035
His Gly Gly Ala Ile Ser Arg Asp Gly Arg Ile Ala Ile Gly Asp Cys
1040 1045 1050
Ile Leu Ser Ile Asn Glu Glu Ser Thr Ile Ser Val Thr Asn Ala Gln
1055 1060 1065
Ala Arg Ala Met Leu Arg Arg His Ser Leu Ile Gly Pro Asp Ile Lys
1070 1075 1080 1085
Ile Thr Tyr Val Pro Ala Glu His Leu Glu Glu Phe Lys Ile Ser Leu

106 /160

1090 1095 1100
Gly Gln Gln Ser Gly Arg Val Met Ala Leu Asp Ile Phe Ser Ser Tyr
1105 1110 1115
Thr Gly Arg Asp Ile Pro Glu Leu Pro Glu Arg Glu Glu Gly Glu Gly
1120 1125 1130
Glu Glu Ser Glu Leu Gln Asn Thr Ala Tyr Ser Asn Trp Asn Gln Pro
1135 1140 1145
Arg Arg Val Glu Leu Trp Arg Glu Pro Ser Lys Ser Leu Gly Ile Ser
1150 1155 1160 1165
Ile Val Gly Gly Arg Gly Met Gly Ser Arg Leu Ser Asn Gly Glu Val
1170 1175 1180
Met Arg Gly Ile Phe Ile Lys His Val Leu Glu Asp Ser Pro Ala Gly
1185 1190 1195
Lys Asn Gly Thr Leu Lys Pro Gly Asp Arg Ile Val Glu Val Asp Gly
1200 1205 1210
Met Asp Leu Arg Asp Ala Ser His Glu Gln Ala Val Glu Ala Ile Arg
1215 1220 1225
Lys Ala Gly Asn Pro Val Val Phe Met Val
1230 1235

<210> 85
<211> 6540
<212> DNA
<213> Homo sapience

<220>
<221> CDS
<222> (71)...(6070)

<400> 85

ttctcagtca cgcgatcca ttttaattgc tgttaatcat ttcagagaag aacactgaac 60

tttgaaaaaa atg ttg gaa gcc att gac aaa aat cgg gcc ctg cat gca 109

Met Leu Glu Ala Ile Asp Lys Asn Arg Ala Leu His Ala

1 5 10

gca gag cgc ttg caa acc aag ctg cga gaa cgt ggg gat gta gca aat 157

Ala Glu Arg Leu Gln Thr Lys Leu Arg Glu Arg Gly Asp Val Ala Asn

15 20 25

gaa gac aaa ctg agc ctt ctg aag tca gtc ctg cag agc cct ctc ttc 205

Glu Asp Lys Leu Ser Leu Leu Lys Ser Val Leu Gln Ser Pro Leu Phe

30 35 40 45

agt cag att ctg agc ctt cag act tct gta cag cag ctg aaa gac cag 253

Ser Gln Ile Leu Ser Leu Gln Thr Ser Val Gln Gln Leu Lys Asp Gln

50 55 60

gta aat att gca act tca gca act tca aat att gaa tat gcc cac gtt 301

Val Asn Ile Ala Thr Ser Ala Thr Ser Asn Ile Glu Tyr Ala His Val

65 70 75

cct cat ctc agc cca gct gtg att cct act ctg caa aat gaa tcg ttt 349

Pro His Leu Ser Pro Ala Val Ile Pro Thr Leu Gln Asn Glu Ser Phe

80 85 90

108 /160

tta tta tcc cca aac aat ggg aat ctg gaa gca ctt aca gga cct ggt 397
Leu Leu Ser Pro Asn Asn Gly Asn Leu Glu Ala Leu Thr Gly Pro Gly
95 100 105

att cca cac att aat ggg aaa cct gct tgt gat gaa ttt gat cag ctt 445
Ile Pro His Ile Asn Gly Lys Pro Ala Cys Asp Glu Phe Asp Gln Leu
110 115 120 125

atc aaa aat atg gcc cag ggt cgc cat gta gaa gtt ttt gag ctc ctc 493
Ile Lys Asn Met Ala Gln Gly Arg His Val Glu Val Phe Glu Leu Leu
130 135 140

aaa cct cca tct gga ggc ctt ggg ttt agt gtt gtg gga cta aga agt 541
Lys Pro Pro Ser Gly Gly Leu Gly Phe Ser Val Val Gly Leu Arg Ser
145 150 155

gaa aac aga gga gag ctg gga ata ttt gtt caa gag ata caa gag ggc 589
Glu Asn Arg Gly Glu Leu Gly Ile Phe Val Gln Glu Ile Gln Glu Gly
160 165 170

agt gtg gcc cat aga gat gga aga ttg aaa gaa act gat caa att ctt 637
Ser Val Ala His Arg Asp Gly Arg Leu Lys Glu Thr Asp Gln Ile Leu
175 180 185

gct atc aat gga cag gct ctt gat cag aca att aca cat cag cag gct 685
Ala Ile Asn Gly Gln Ala Leu Asp Gln Thr Ile Thr His Gln Gln Ala
190 195 200 205

109 / 160

atc agc atc ctg cag aaa gcc aaa gat act gtc cag cta gtt att gcc 733
Ile Ser Ile Leu Gln Lys Ala Lys Asp Thr Val Gln Leu Val Ile Ala

210 215 220

aga ggc tca ttg cct cag ctt gtc agc ccc ata gtt tcc cgt tct cca 781
Arg Gly Ser Leu Pro Gln Leu Val Ser Pro Ile Val Ser Arg Ser Pro

225 230 235

tct gca gcc agc aca att tca gct cac tct aat ccg gtt cac tgg caa 829
Ser Ala Ala Ser Thr Ile Ser Ala His Ser Asn Pro Val His Trp Gln

240 245 250

cac atg gaa acg att gaa ttg gtg aat gat gga tct ggt ttg gga ttt 877
His Met Glu Thr Ile Glu Leu Val Asn Asp Gly Ser Gly Leu Gly Phe

255 260 265

ggc atc ata gga gga aaa gca act ggt gtg ata gta aaa acc att ctg 925
 Gly Ile Ile Gly Gly Lys Ala Thr Gly Val Ile Val Lys Thr Ile Leu
 270 275 280 285

cct gga gga gta gct gat cag cat ggg cgt tta tgc agt gga gac cac 973
Pro Gly Gly Val Ala Asp Gln His Gly Arg Leu Cys Ser Gly Asp His

290 295 300

att cta aag att ggt gac aca gat cta gca gga atg agc agt gag caa 1021
Ile Leu Lys Ile Gly Asp Thr Asp Leu Ala Gly Met Ser Ser Glu Gln

000 010 010

110 /160

gta gca caa gtc ctt agg caa tgt gga aat aga gtt aag ttg atg att 1069
Val Ala Gln Val Leu Arg Gln Cys Gly Asn Arg Val Lys Leu Met Ile

320 325 330

gca aga agt gcc ata gaa gaa cgt aca gca ccc act gct ttg ggc atc 1117
Ala Arg Ser Ala Ile Glu Glu Arg Thr Ala Pro Thr Ala Leu Gly Ile
335 340 345

acc ctc tcc tca tcc cca act tca acg cca gag ttg cgg gtt gat gct 1165
Thr Leu Ser Ser Ser Pro Thr Ser Thr Pro Glu Leu Arg Val Asp Ala
350 355 360 365

tct act cag aaa ggt gaa gaa agt gag aca ttt gat gta gaa ctc act 1213
Ser Thr Gln Lys Gly Glu Glu Ser Glu Thr Phe Asp Val Glu Leu Thr
370 375 380

aaa aat gtc caa gga tta gga att acc att gct ggc tac att gga gat 1261
Lys Asn Val Gln Gly Leu Gly Ile Thr Ile Ala Gly Tyr Ile Gly Asp
385 390 395

aaa aaa ttg gaa cct tca gga atc ttt gta aag agc att aca aaa agc 1309
Lys Lys Leu Glu Pro Ser Gly Ile Phe Val Lys Ser Ile Thr Lys Ser
400 405 410

agt gcc gtt gag cat gat gga aga atc caa att gga gac caa att ata 1357
Ser Ala Val Glu His Asp Gly Arg Ile Gln Ile Gly Asp Gln Ile Ile
415 420 425

gca gta gat ggc aca aac ctt cag ggt ttt act aat cag caa gca gta 1405
Ala Val Asp Gly Thr Asn Leu Gln Gly Phe Thr Asn Gln Gln Ala Val
430 435 440 445

gag gta ttg cga cat aca gga caa act gtg ctc ctg aca cta atg agg 1453
Glu Val Leu Arg His Thr Gly Gln Thr Val Leu Leu Thr Leu Met Arg
450 455 460

aga gga atg aag cag gaa gcc gag ctc atg tca agg gaa gac gtc aca 1501
Arg Gly Met Lys Gln Glu Ala Glu Leu Met Ser Arg Glu Asp Val Thr
465 470 475

aaa gat gca gat ttg tct cct gtt aat gcc agc ata atc aaa gaa aat 1549
Lys Asp Ala Asp Leu Ser Pro Val Asn Ala Ser Ile Ile Lys Glu Asn
480 485 490

tat gaa aaa gat gaa gat ttt tta tct tcg acg aga aac acc aac ata 1597
Tyr Glu Lys Asp Glu Asp Phe Leu Ser Ser Thr Arg Asn Thr Asn Ile
495 500 505

tta cca act gaa gaa gaa ggg tat cca tta ctg tca gct gag ata gaa 1645
Leu Pro Thr Glu Glu Glu Gly Tyr Pro Leu Leu Ser Ala Glu Ile Glu
510 515 520 525

gaa ata gaa gat gca caa aaa caa gaa gct gct ctg ctg aca aaa tgg 1693
Glu Ile Glu Asp Ala Gln Lys Gln Glu Ala Ala Leu Leu Thr Lys Trp
530 535 540

112 /160

caa agg att atg gga att aac tat gaa ata gtg gtg gcc cat gtg agc 1741
Gln Arg Ile Met Gly Ile Asn Tyr Glu Ile Val Val Ala His Val Ser
545 550 555

aag ttt agt gag aac agt gga ttg ggg ata agc ctg gaa gcg aca gtg 1789
Lys Phe Ser Glu Asn Ser Gly Leu Gly Ile Ser Leu Glu Ala Thr Val
560 565 570

gga cat cat ttt atc cga tct gtt cta cca gag ggt cct gtt gga cac 1837
Gly His His Phe Ile Arg Ser Val Leu Pro Glu Gly Pro Val Gly His
575 580 585

agc ggg aag ctc ttc agt gga gac gag cta ttg gaa gta aat ggc ata 1885
Ser Gly Lys Leu Phe Ser Gly Asp Glu Leu Leu Glu Val Asn Gly Ile
590 595 600 605

act tta ctt ggg gaa aat cac caa gat gtg gtg aat atc tta aaa gaa 1933
Thr Leu Leu Gly Glu Asn His Gln Asp Val Val Asn Ile Leu Lys Glu
610 615 620

ctg cct ata gaa gtg aca atg gtg tgc tgt cgt cga act gtg cca ccc 1981
Leu Pro Ile Glu Val Thr Met Val Cys Cys Arg Arg Thr Val Pro Pro
625 630 635

acc acc caa tca gaa ttg gat agc ctg gac tta tgt gat att gag cta 2029
Thr Thr Gln Ser Glu Leu Asp Ser Leu Asp Leu Cys Asp Ile Glu Leu
640 645 650

aca gaa aag cct cac gta gat cta ggt gag ttc atc ggg tca tca gag 2077
Thr Glu Lys Pro His Val Asp Leu Gly Glu Phe Ile Gly Ser Ser Glu
655 660 665

cca gag gat cca gtg ctg gcg atg act gat gcg ggt cag agt aca gaa 2125
Pro Glu Asp Pro Val Leu Ala Met Thr Asp Ala Gly Gln Ser Thr Glu
670 675 680 685

gag gtt caa gca cct ttg gcc atg tgg gag gct ggc att cag cac ata 2173
Glu Val Gln Ala Pro Leu Ala Met Trp Glu Ala Gly Ile Gln His Ile
690 695 700

atg ctg gag aaa ggg agc aaa gga ctt ggt ttt agc att tta gat tat 2221
Met Leu Glu Lys Gly Ser Lys Gly Leu Gly Phe Ser Ile Leu Asp Tyr
705 710 715

cag gat cca att gat cca gca agc act gtg att ata att cgt tct ttg 2269
Gln Asp Pro Ile Asp Pro Ala Ser Thr Val Ile Ile Arg Ser Leu
720 725 730

gtg cct ggc ggc att gct gaa aag gat gga cga ctt ctt cct ggt gac 2317
Val Pro Gly Gly Ile Ala Glu Lys Asp Gly Arg Leu Leu Pro Gly Asp
735 740 745

cga ctc atg ttt gta aac gat gtt aac ttg gaa aac agc agt ctt gag 2365
Arg Leu Met Phe Val Asn Asp Val Asn Leu Glu Asn Ser Ser Leu Glu
750 755 760 765

gaa gct gta gaa gca ctg aag gga gca ccg tca ggg act gtg aga ata 2413
Glu Ala Val Glu Ala Leu Lys Gly Ala Pro Ser Gly Thr Val Arg Ile

770 775 780

gga gtt gct aag cct tta ccc ctt tca cca gaa gaa ggt tat gtt tct 2461
Gly Val Ala Lys Pro Leu Pro Leu Ser Pro Glu Glu Gly Tyr Val Ser

785 790 795

gct aag gag gat tcc ttt ctc tac cca cca cac tcc tgt gag gaa gca 2509
Ala Lys Glu Asp Ser Phe Leu Tyr Pro Pro His Ser Cys Glu Glu Ala

800 805 810

ggg ctg gct gac aaa ccc ctc ttc agg gct gac ttg gct ctg gtg ggc 2557
Gly Leu Ala Asp Lys Pro Leu Phe Arg Ala Asp Leu Ala Leu Val Gly

815 820 825

aca aat gat gct gac tta gta gat gaa tcc aca ttt gag tct cca tac 2605
Thr Asn Asp Ala Asp Leu Val Asp Glu Ser Thr Phe Glu Ser Pro Tyr
830 835 840 845

tct cct gaa aat gac agc atc tac tct act caa gcc tct att tta tct 2653
Ser Pro Glu Asn Asp Ser Ile Tyr Ser Thr Gln Ala Ser Ile Leu Ser
850 855 860

ctt cat ggc agt tct tgt ggt gat ggc ctg aac tat ggt tct tcc ctt 2701
Leu His Gly Ser Ser Cys Gly Asp Gly Leu Asn Tyr Gly Ser Ser Leu
865 870 875

cca tca tct cct cct aag gat gtt att gaa aat tct tgt gat cca gta 2749
Pro Ser Ser Pro Pro Lys Asp Val Ile Glu Asn Ser Cys Asp Pro Val
 880 885 890

ctt gat ctg cat atg tct ctg gag gaa cta tat acc cag aat ctc ctg 2797
Leu Asp Leu His Met Ser Leu Glu Glu Leu Tyr Thr Gln Asn Leu Leu
 895 900 905

gaa aga cag gat gag aat aca cct tcg gtg gac ata agt atg ggg cct 2845
Glu Arg Gln Asp Glu Asn Thr Pro Ser Val Asp Ile Ser Met Gly Pro
 910 915 920 925

gct tct ggc ttt act ata aat gac tac aca cct gca aat gct att gaa 2893
Ala Ser Gly Phe Thr Ile Asn Asp Tyr Thr Pro Ala Asn Ala Ile Glu
 930 935 940

caa caa tat gaa tgt gaa aac aca ata gtg tgg act gaa tct cat tta 2941
Gln Gln Tyr Glu Cys Glu Asn Thr Ile Val Trp Thr Glu Ser His Leu
 945 950 955

cca agt gaa gtt ata tca agt gca gaa ctt cct tct gtg cta ccc gat 2989
Pro Ser Glu Val Ile Ser Ser Ala Glu Leu Pro Ser Val Leu Pro Asp
 960 965 970

tca gct gga aag ggc tct gag cac ctg ctt gaa cag agc tcc ctg gcc 3037
Ser Ala Gly Lys Gly Ser Glu His Leu Leu Glu Gln Ser Ser Leu Ala
 975 980 985

116 /160

tgt aat gct gag tgt gtc atg ctt caa aat gta tct aaa gaa tct ttt 3085
Cys Asn Ala Glu Cys Val Met Leu Gln Asn Val Ser Lys Glu Ser Phe
990 995 1000 1005

gaa agg act att aat ata gca aaa ggc aat tct agc cta gga atg aca 3133
Glu Arg Thr Ile Asn Ile Ala Lys Gly Asn Ser Ser Leu Gly Met Thr
1010 1015 1020

gtt agt gct aat aaa gat ggc ttg ggg atg atc gtt cga agc att att 3181
Val Ser Ala Asn Lys Asp Gly Leu Gly Met Ile Val Arg Ser Ile Ile
1025 1030 1035

cat gga ggt gcc att agt cga gat ggc cgg att gcc att ggg gac tgc 3229
His Gly Gly Ala Ile Ser Arg Asp Gly Arg Ile Ala Ile Gly Asp Cys
1040 1045 1050

atc ttg tcc att aat gaa gag tct acc atc agt gta acc aat gcc cag 3277
Ile Leu Ser Ile Asn Glu Glu Ser Thr Ile Ser Val Thr Asn Ala Gln
1055 1060 1065

gca cga gct atg ttg aga aga cat tct ctc att ggc cct gac ata aaa 3325
Ala Arg Ala Met Leu Arg Arg His Ser Leu Ile Gly Pro Asp Ile Lys
1070 1075 1080 1085

att act tat gtg cct gca gaa cat ttg gaa gag ttc aaa ata agc ttg 3373
Ile Thr Tyr Val Pro Ala Glu His Leu Glu Glu Phe Lys Ile Ser Leu
1090 1095 1100

117 /160

gga caa caa tct gga aga gta atg gca ctg gat att ttt tct tca tac 3421
Gly Gln Gln Ser Gly Arg Val Met Ala Leu Asp Ile Phe Ser Ser Tyr

1105 1110 1115

act ggc aga gac att cca gaa tta cca gag cga gaa gag gga gag ggt 3469
Thr Gly Arg Asp Ile Pro Glu Leu Pro Glu Arg Glu Glu Gly Glu Gly

1120 1125 1130

gaa gaa agc gaa ctt caa aac aca gca tat agc aat tgg aat cag ccc 3517
Glu Glu Ser Glu Leu Gln Asn Thr Ala Tyr Ser Asn Trp Asn Gln Pro

1135 1140 1145

agg cgg gtg gaa ctc tgg aga gaa cca agc aaa tcc tta ggc atc agc 3565
Arg Arg Val Glu Leu Trp Arg Glu Pro Ser Lys Ser Leu Gly Ile Ser
1150 1155 1160 1165

att gtt ggt gga cga ggg atg ggg agt cgg cta agc aat gga gaa gtg 3613
Ile Val Gly Gly Arg Gly Met Gly Ser Arg Leu Ser Asn Gly Glu Val

1170 1175 1180

atg agg ggc att ttc atc aaa cat gtt ctg gaa gat agt cca gct ggc 3661
Met Arg Gly Ile Phe Ile Lys His Val Leu Glu Asp Ser Pro Ala Gly
1185 1190 1195

aaa aat gga acc ttg aaa cct gga gat aga atc gta gag gca ccc agt 3709
Lys Asn Gly Thr Leu Lys Pro Gly Asp Arg Ile Val Glu Ala Pro Ser
1200 1205 1210

cag tca gag tca gag cca gag aag gct cca ttg tgc agt gtg ccc cca 3757
Gln Ser Glu Ser Glu Pro Glu Lys Ala Pro Leu Cys Ser Val Pro Pro
1215 1220 1225

ccc cct cct tca gcc ttt gcc gaa atg ggt agt gat cac aca cag tca 3805
Pro Pro Pro Ser Ala Phe Ala Glu Met Gly Ser Asp His Thr Gln Ser
1230 1235 1240 1245

tct gca agc aaa atc tca caa gat gtg gac aaa gag gat gag ttt ggt 3853
Ser Ala Ser Lys Ile Ser Gln Asp Val Asp Lys Glu Asp Glu Phe Gly
1250 1255 1260

tac agc tgg aaa aat atc aga gag cgt tat gga acc cta aca ggc gag 3901
Tyr Ser Trp Lys Asn Ile Arg Glu Arg Tyr Gly Thr Leu Thr Gly Glu
1265 1270 1275

ctg cat atg att gaa ctg gag aaa ggt cat agt ggt ttg ggc cta agt 3949
Leu His Met Ile Glu Leu Glu Lys Gly His Ser Gly Leu Gly Leu Ser
1280 1285 1290

ctt gct ggg aac aaa gac cga tcc agg atg agt gtc ttc ata gtg ggg 3997
Leu Ala Gly Asn Lys Asp Arg Ser Arg Met Ser Val Phe Ile Val Gly
1295 1300 1305

att gat cca aat gga gct gca gga aaa gat ggt cga ttg caa att gca 4045
Ile Asp Pro Asn Gly Ala Ala Gly Lys Asp Gly Arg Leu Gln Ile Ala
1310 1315 1320 1325

119 /160

gat gag ctt cta gag atc aat ggt cag att tta tat gga aga agt cat 4093
Asp Glu Leu Leu Glu Ile Asn Gly Gln Ile Leu Tyr Gly Arg Ser His
1330 1335 1340

cag aat gcc tca tca atc att aaa tgt gcc cct tct aaa gtg aaa ata 4141
Gln Asn Ala Ser Ser Ile Ile Lys Cys Ala Pro Ser Lys Val Lys Ile
1345 1350 1355

att ttt atc aga aat aaa gat gca gtg aat cag atg gcc gta tgt cct 4189
Ile Phe Ile Arg Asn Lys Asp Ala Val Asn Gln Met Ala Val Cys Pro
1360 1365 1370

gga aat gca gta gaa cct ttg cct tct aac tca gaa aat ctt caa aat 4237
Gly Asn Ala Val Glu Pro Leu Pro Ser Asn Ser Glu Asn Leu Gln Asn
1375 1380 1385

aag gag aca gag cca act gtt act act tct gat gca gct gtg gac ctc 4285
Lys Glu Thr Glu Pro Thr Val Thr Thr Ser Asp Ala Ala Val Asp Leu
1390 1395 1400 1405

agt tca ttt aaa aat gtg caa cat ctg gag ctt ccc aag gat cag ggg 4333
Ser Ser Phe Lys Asn Val Gln His Leu Glu Leu Pro Lys Asp Gln Gly
1410 1415 1420

ggt ttg ggt att gct atc agc gaa gaa gat aca ctc agt gga gtc atc 4381
Gly Leu Gly Ile Ala Ile Ser Glu Glu Asp Thr Leu Ser Gly Val Ile
1425 1430 1435

120 /160

ata aag agc tta aca gag cat ggg gta gca gcc acg gat gga cga ctc 4429
Ile Lys Ser Leu Thr Glu His Gly Val Ala Ala Thr Asp Gly Arg Leu
1440 1445 1450

aaa gtc gga gat cag ata ctg gct gta gat gat gaa att gtt gtt ggt 4477
Lys Val Gly Asp Gln Ile Leu Ala Val Asp Asp Glu Ile Val Val Gly
1455 1460 1465

tac cct att gaa aag ttt att agc ctt ctg aag aca gca aag atg aca 4525
Tyr Pro Ile Glu Lys Phe Ile Ser Leu Leu Lys Thr Ala Lys Met Thr
1470 1475 1480 1485

gta aaa ctt acc atc cat gct gag aat cca gat tcc cag gct gtt cct 4573
Val Lys Leu Thr Ile His Ala Glu Asn Pro Asp Ser Gln Ala Val Pro
1490 1495 1500

tca gca gct ggt gca gcc agt gga gaa aaa aag aac agc tcc cag tct 4621
Ser Ala Ala Gly Ala Ala Ser Gly Glu Lys Lys Asn Ser Ser Gln Ser
1505 1510 1515

ctg atg gtc cca cag tct ggc tcc cca gaa ccg gag tcc atc cga aat 4669
Leu Met Val Pro Gln Ser Gly Ser Pro Glu Pro Glu Ser Ile Arg Asn
1520 1525 1530

aca agc aga tca tca aca cca gca att ttt gct tct gat cct gca acc 4717
Thr Ser Arg Ser Ser Thr Pro Ala Ile Phe Ala Ser Asp Pro Ala Thr
1535 1540 1545

121 /160

tgc ccc att atc cct ggc tgc gaa aca acc atc gag att tcc aaa ggg 4765
Cys Pro Ile Ile Pro Gly Cys Glu Thr Thr Ile Glu Ile Ser Lys Gly
1550 1555 1560 1565

cga aca ggg ctg ggc ctg agc atc gtt ggg ggt tca gac acg ctg ctg 4813
Arg Thr Gly Leu Gly Leu Ser Ile Val Gly Gly Ser Asp Thr Leu Leu
1570 1575 1580

ggt gcc ttt att atc cat gaa gtt tat gaa gaa gga gca gca tgt aaa 4861
Gly Ala Phe Ile Ile His Glu Val Tyr Glu Glu Gly Ala Ala Cys Lys
1585 1590 1595

gat gga aga ctc tgg gct gga gat cag atc tta gag gtg aat gga att 4909
Asp Gly Arg Leu Trp Ala Gly Asp Gln Ile Leu Glu Val Asn Gly Ile
1600 1605 1610

gac ttg agg aag gcc aca cat gat gaa gca atc aat gtc ctg aga cag 4957
Asp Leu Arg Lys Ala Thr His Asp Glu Ala Ile Asn Val Leu Arg Gln
1615 1620 1625

acg cca cag aga gtg cgc ctg aca ctc tac aga gat gag gcc cca tac 5005
Thr Pro Gln Arg Val Arg Leu Thr Leu Tyr Arg Asp Glu Ala Pro Tyr
1630 1635 1640 1645

aaa gag gag gaa gtg tgt gac acc ctc act att gag ctg cag aag aag 5053
Lys Glu Glu Glu Val Cys Asp Thr Leu Thr Ile Glu Leu Gln Lys Lys
1650 1655 1660

122 /160

ccg gga aaa ggc cta gga tta agt att gtt ggt aaa aga aac gat act 5101
Pro Gly Lys Gly Leu Gly Leu Ser Ile Val Gly Lys Arg Asn Asp Thr

1665 1670 1675

gga gta ttt gtg tca gac att gtc aaa gga gga att gca gat ccc gat 5149
Gly Val Phe Val Ser Asp Ile Val Lys Gly Gly Ile Ala Asp Pro Asp

1680 1685 1690

gga aga ctg atc cag gga gac cag ata tta ttg gtg aat ggg gaa gac 5197
Gly Arg Leu Ile Gln Gly Asp Gln Ile Leu Leu Val Asn Gly Glu Asp

1695 1700 1705

gtt cgt aat gcc tcc caa gaa gcg gtt gcc gct ttg cta aag tgt tcc 5245
Val Arg Asn Ala Ser Gln Glu Ala Val Ala Leu Leu Lys Cys Ser
1710 1715 1720 1725

cta ggc aca gta acc ttg gaa gtt gga aga atc aaa gct ggt cca ttc 5293
Leu Gly Thr Val Thr Leu Glu Val Gly Arg Ile Lys Ala Gly Pro Phe

1730 1735 1740

cat tca gag agg agg cca tct caa acc agc cag gtg agt gaa ggc agc 5341
His Ser Glu Arg Arg Pro Ser Gln Thr Ser Gln Val Ser Glu Gly Ser
1745 1750 1755

ctg tct tct ttc act ttt cca ctc tct gga tcc agt aca tct gag tca 5389
Leu Ser Ser Phe Thr Phe Pro Leu Ser Gly Ser Ser Thr Ser Glu Ser
1760 1765 1770

ctg gaa agt agc tca aag aag aat gca ttg gca tct gaa ata cag gga 5437
Leu Glu Ser Ser Ser Lys Lys Asn Ala Leu Ala Ser Glu Ile Gln Gly
1775 1780 1785

tta aga aca gtc gaa atg aaa aag ggc cct act gac tca ctg gga atc 5485
Leu Arg Thr Val Glu Met Lys Lys Gly Pro Thr Asp Ser Leu Gly Ile
1790 1795 1800 1805

agc atc gct gga gga gta ggc agc cca ctt ggt gat gtg cct ata ttt 5533
Ser Ile Ala Gly Gly Val Gly Ser Pro Leu Gly Asp Val Pro Ile Phe
1810 1815 1820

att gca atg atg cac cca act gga gtt gca gca cag acc caa aaa ctc 5581
Ile Ala Met Met His Pro Thr Gly Val Ala Ala Gln Thr Gln Lys Leu
1825 1830 1835

aga gtt ggg gat agg att gtc acc atc tgt ggc aca tcc act gag ggc 5629
Arg Val Gly Asp Arg Ile Val Thr Ile Cys Gly Thr Ser Thr Glu Gly
1840 1845 1850

atg act cac acc caa gca gtt aac cta ctg aaa aat gca tct ggc tcc 5677
Met Thr His Thr Gln Ala Val Asn Leu Leu Lys Asn Ala Ser Gly Ser
1855 1860 1865

att gaa atg cag gtg gtt gct gga gga gac gtg agt gtg gtc aca ggt 5725
Ile Glu Met Gln Val Val Ala Gly Gly Asp Val Ser Val Val Thr Gly
1870 1875 1880 1885

cat cat cag gag cct gca agt tcc agt ctt tct ttc act ggg ctg acg	5773		
His His Gln Glu Pro Ala Ser Ser Ser Leu Ser Phe Thr Gly Leu Thr			
1890	1895	1900	
tca acc agt ata ttt cag gat gat tta gga cct cct caa tgt aag tct	5821		
Ser Thr Ser Ile Phe Gln Asp Asp Leu Gly Pro Pro Gln Cys Lys Ser			
1905	1910	1915	
att aca cta gag cga gga cca gat ggc tta ggc ttc agt ata gtt gga	5869		
Ile Thr Leu Glu Arg Gly Pro Asp Gly Leu Gly Phe Ser Ile Val Gly			
1920	1925	1930	
gga tat ggc agc cct cat gga gac tta ccc att tat gtt aaa aca gtg	5917		
Gly Tyr Gly Ser Pro His Gly Asp Leu Pro Ile Tyr Val Lys Thr Val			
1935	1940	1945	
ttt gca aag gga gca gcc tct gaa gac gga cgt ctg aaa agg ggc gat	5965		
Phe Ala Lys Gly Ala Ala Ser Glu Asp Gly Arg Leu Lys Arg Gly Asp			
1950	1955	1960	1965
cag atc att gct gtc aat ggg cag agt cta gaa gga gtc acc cat gaa	6013		
Gln Ile Ile Ala Val Asn Gly Gln Ser Leu Glu Gly Val Thr His Glu			
1970	1975	1980	
gaa gct gtt gcc atc ctt aaa cgg aca aaa ggc act gtc act ttg atg	6061		
Glu Ala Val Ala Ile Leu Lys Arg Thr Lys Gly Thr Val Thr Leu Met			
1985	1990	1995	

gtt ctc tct tgaattggct gccagaattg aaccaaccca acccctagct 6110

Val Leu Ser

2000

cacccctac tgtaaagaga atgcactggt cctgacaatt tttatgctgt gttcagccgg 6170

gtttcaaaa ctgttaggggg gaaataaacac ttaagttct ttttctcatc tagaaatgct 6230

tcccttactg acaacctaac atcattttc ttttcttctt gcattttgtg aactaaaga 6290

gaaggaatat ttgtgttagt gaatctcggtt ttatattgtg gagatatcta atgtttgt 6350

gtcacatggg caagaattat tacatgctaa gctggtagt ataaagaaag ataattctaa 6410

agctaaccaa agaaaatggc ttcaagtaat taggatgaaa aatgaaaata taaaataaag 6470

aagaaaatct cggggagttt aaaaaaaaaatg cctcaatttg gcaatctacc tcctctcccc 6530

accccaaact 6540

<210> 86

<211> 6750

<212> DNA

<213> Homo sapience

<220>

<221> CDS

<222> (71)...(6280)

<400> 86

ttctcagtca cgccaggcca tttaattgc tgtaatcat ttcagagaag aacactgaac 60

tttggaaaaaa atg ttg gaa gcc att gac aaa aat cgg gcc ctg cat gca 109

Met Leu Glu Ala Ile Asp Lys Asn Arg Ala Leu His Ala

1 5 10

gca gag cgc ttg caa acc aag ctg cga gaa cgt ggg gat gta gca aat 157

Ala Glu Arg Leu Gln Thr Lys Leu Arg Glu Arg Gly Asp Val Ala Asn

15 20 25

gaa gac aaa ctg agc ctt ctg aag tca gtc ctg cag agc cct ctc ttc 205

Glu Asp Lys Leu Ser Leu Leu Lys Ser Val Leu Gln Ser Pro Leu Phe

30 35 40 45

agt cag att ctg agc ctt cag act tct gta cag cag ctg aaa gac cag 253

Ser Gln Ile Leu Ser Leu Gln Thr Ser Val Gln Gln Leu Lys Asp Gln

50 55 60

gta aat att gca act tca gca act tca aat att gaa tat gcc cac gtt 301

Val Asn Ile Ala Thr Ser Ala Thr Ser Asn Ile Glu Tyr Ala His Val

65 70 75

cct cat ctc agc cca gct gtg att cct act ctg caa aat gaa tcg ttt 349

Pro His Leu Ser Pro Ala Val Ile Pro Thr Leu Gln Asn Glu Ser Phe

80 85 90

127 / 160

tta tta tcc cca aac aat ggg aat ctg gaa gca ctt aca gga cct ggt 397
 Leu Leu Ser Pro Asn Asn Gly Asn Leu Glu Ala Leu Thr Gly Pro Gly

95 100 105

397

att cca cac att aat ggg aaa cct gct tgt gat gaa ttt gat cag ctt 445
Ile Pro His Ile Asn Gly Lys Pro Ala Cys Asp Glu Phe Asp Gln Leu
110 115 120 125

atc aaa aat atg gcc cag ggt cgc cat gta gaa gtt ttt gag ctc ctc
 Ile Lys Asn Met Ala Gln Gly Arg His Val Glu Val Phe Glu Leu Leu
 130 135 140

130 135 140

aaa cct cca tct gga ggc ctt ggg ttt agt gtt gtg gga cta aga agt 541
Lys Pro Pro Ser Gly Gly Leu Gly Phe Ser Val Val Gly Leu Arg Ser
145 150 155

145 150 155

gaa aac aga gga gag ctg gga ata ttt gtt caa gag ata caa gag ggc 589
Glu Asn Arg Gly Glu Leu Gly Ile Phe Val Gln Glu Ile Gln Glu Gly

160 165 170

agt gtg gcc cat aga gat gga aga ttg aaa gaa act gat caa att ctt 637
 Ser Val Ala His Arg Asp Gly Arg Leu Lys Glu Thr Asp Gln Ile Leu
 175 180 185

175 180 185

gct atc aat gga cag gct ctt gat cag aca att aca cat cag cag gct 685
Ala Ile Asn Gly Gln Ala Leu Asp Gln Thr Ile Thr His Gln Gln Ala
190 195 200 205

128 /160

atc agc atc ctg cag aaa gcc aaa gat act gtc cag cta gtt att gcc 733
Ile Ser Ile Leu Gln Lys Ala Lys Asp Thr Val Gln Leu Val Ile Ala
210 215 220

aga ggc tca ttg cct cag ctt gtc agc ccc ata gtt tcc cgt tct cca 781
Arg Gly Ser Leu Pro Gln Leu Val Ser Pro Ile Val Ser Arg Ser Pro
225 230 235

tct gca gcc agc aca att tca gct cac tct aat ccg gtt cac tgg caa 829
Ser Ala Ala Ser Thr Ile Ser Ala His Ser Asn Pro Val His Trp Gln
240 245 250

cac atg gaa acg att gaa ttg gtg aat gat gga tct ggt ttg gga ttt 877
His Met Glu Thr Ile Glu Leu Val Asn Asp Gly Ser Gly Leu Gly Phe
255 260 265

ggc atc ata gga gga aaa gca act ggt gtg ata gta aaa acc att ctg 925
Gly Ile Ile Gly Gly Lys Ala Thr Gly Val Ile Val Lys Thr Ile Leu
270 275 280 285

cct gga gga gta gct gat cag cat ggg cgt tta tgc agt gga gac cac 973
Pro Gly Gly Val Ala Asp Gln His Gly Arg Leu Cys Ser Gly Asp His
290 295 300

att cta aag att ggt gac aca gat cta gca gga atg agc agt gag caa 1021
Ile Leu Lys Ile Gly Asp Thr Asp Leu Ala Gly Met Ser Ser Glu Gln
305 310 315

gta gca caa gtc ctt agg caa tgt gga aat aga gtt aag ttg atg att 1069
Val Ala Gln Val Leu Arg Gln Cys Gly Asn Arg Val Lys Leu Met Ile
320 325 330

gca aga agt gcc ata gaa gaa cgt aca gca ccc act gct ttg ggc atc 1117
Ala Arg Ser Ala Ile Glu Glu Arg Thr Ala Pro Thr Ala Leu Gly Ile
335 340 345

acc ctc tcc tca tcc cca act tca acg cca gag ttg cgg gtt gat gct 1165
Thr Leu Ser Ser Ser Pro Thr Ser Thr Pro Glu Leu Arg Val Asp Ala
350 355 360 365

tct act cag aaa ggt gaa gaa agt gag aca ttt gat gta gaa ctc act 1213
Ser Thr Gln Lys Gly Glu Glu Ser Glu Thr Phe Asp Val Glu Leu Thr
370 375 380

aaa aat gtc caa gga tta gga att acc att gct ggc tac att gga gat 1261
Lys Asn Val Gln Gly Leu Gly Ile Thr Ile Ala Gly Tyr Ile Gly Asp
385 390 395

aaa aaa ttg gaa cct tca gga atc ttt gta aag agc att aca aaa agc 1309
Lys Lys Leu Glu Pro Ser Gly Ile Phe Val Lys Ser Ile Thr Lys Ser
400 405 410

agt gcc gtt gag cat gat gga aga atc caa att gga gac caa att ata 1357
Ser Ala Val Glu His Asp Gly Arg Ile Gln Ile Gly Asp Gln Ile Ile
415 420 425

130 /160

gca gta gat ggc aca aac ctt cag ggt ttt act aat cag caa gca gta 1405
Ala Val Asp Gly Thr Asn Leu Gln Gly Phe Thr Asn Gln Gln Ala Val
430 435 440 445

gag gta ttg cga cat aca gga caa act gtg ctc ctg aca cta atg agg 1453
Glu Val Leu Arg His Thr Gly Gln Thr Val Leu Leu Thr Leu Met Arg
450 455 460

aga gga atg aag cag gaa gcc gag ctc atg tca agg gaa gac gtc aca 1501
Arg Gly Met Lys Gln Glu Ala Glu Leu Met Ser Arg Glu Asp Val Thr
465 470 475

aaa gat gca gat ttg tct cct gtt aat gcc agc ata atc aaa gaa aat 1549
Lys Asp Ala Asp Leu Ser Pro Val Asn Ala Ser Ile Ile Lys Glu Asn
480 485 490

tat gaa aaa gat gaa gat ttt tta tct tcg acg aga aac acc aac ata 1597
Tyr Glu Lys Asp Glu Asp Phe Leu Ser Ser Thr Arg Asn Thr Asn Ile
495 500 505

tta cca act gaa gaa gaa ggg tat cca tta ctg tca gct gag ata gaa 1645
Leu Pro Thr Glu Glu Glu Gly Tyr Pro Leu Leu Ser Ala Glu Ile Glu
510 515 520 525

gaa ata gaa gat gca caa aaa caa gaa gct gct ctg ctg aca aaa tgg 1693
Glu Ile Glu Asp Ala Gln Lys Gln Glu Ala Ala Leu Leu Thr Lys Trp
530 535 540

131 /160

caa agg att atg gga att aac tat gaa ata gtg gtg gcc cat gtg agc 1741
Gln Arg Ile Met Gly Ile Asn Tyr Glu Ile Val Val Ala His Val Ser
545 550 555

aag ttt agt gag aac agt gga ttg ggg ata agc ctg gaa gcg aca gtg 1789
Lys Phe Ser Glu Asn Ser Gly Leu Gly Ile Ser Leu Glu Ala Thr Val
560 565 570

gga cat cat ttt atc cga tct gtt cta cca gag ggt cct gtt gga cac 1837
Gly His His Phe Ile Arg Ser Val Leu Pro Glu Gly Pro Val Gly His
575 580 585

agc ggg aag ctc ttc agt gga gac gag cta ttg gaa gta aat ggc ata 1885
Ser Gly Lys Leu Phe Ser Gly Asp Glu Leu Leu Glu Val Asn Gly Ile
590 595 600 605

act tta ctt ggg gaa aat cac caa gat gtg gtg aat atc tta aaa gaa 1933
Thr Leu Leu Gly Glu Asn His Gln Asp Val Val Asn Ile Leu Lys Glu
610 615 620

ctg cct ata gaa gtg aca atg gtg tgc tgt cgt cga act gtg cca ccc 1981
Leu Pro Ile Glu Val Thr Met Val Cys Cys Arg Arg Thr Val Pro Pro
625 630 635

acc acc caa tca gaa ttg gat agc ctg gac tta tgt gat att gag cta 2029
Thr Thr Gln Ser Glu Leu Asp Ser Leu Asp Leu Cys Asp Ile Glu Leu
640 645 650

132 / 160

aca gaa aag cct cac gta gat cta ggt gag ttc atc ggg tca tca gag 2077
Thr Glu Lys Pro His Val Asp Leu Gly Glu Phe Ile Gly Ser Ser Glu

655 660 665

cca gag gat cca gtg ctg gcg atg act gat gcg ggt cag agt aca gaa 2125
 Pro Glu Asp Pro Val Leu Ala Met Thr Asp Ala Gly Gln Ser Thr Glu
 670 675 680 685

gag gtt caa gca cct ttg gcc atg tgg gag gct ggc att cag cac ata 2173
 Glu Val Gln Ala Pro Leu Ala Met Trp Glu Ala Gly Ile Gln His Ile
 690 695 700

690 695 700

atg ctg gag aaa ggg agc aaa gga ctt ggt ttt agc att tta gat tat 2221
 Met Leu Glu Lys Gly Ser Lys Gly Leu Gly Phe Ser Ile Leu Asp Tyr
 705 710 715

705 710 715

cag gat cca att gat cca gca agc act gtg att ata att cgt tct ttg 2269
Gln Asp Pro Ile Asp Pro Ala Ser Thr Val Ile Ile Ile Arg Ser Leu
720 725 730

720 725 730

gtg cct ggc ggc att gct gaa aag gat gga cga ctt ctt cct ggt gac 2317
 Val Pro Gly Gly Ile Ala Glu Lys Asp Gly Arg Leu Leu Pro Gly Asp
 735 740 745

735 740 745

cga ctc atg ttt gta aac gat gtt aac ttg gaa aac agc agt ctt gag 2365
 Arg Leu Met Phe Val Asn Asp Val Asn Leu Glu Asn Ser Ser Leu Glu
 750 755 760 765

133 /160

gaa gct gta gaa gca ctg aag gga gca ccg tca ggg act gtg aga ata 2413
Glu Ala Val Glu Ala Leu Lys Gly Ala Pro Ser Gly Thr Val Arg Ile

770 775 780

gga gtt gct aag cct tta ccc ctt tca cca gaa gaa ggt tat gtt tct 2461
Gly Val Ala Lys Pro Leu Pro Leu Ser Pro Glu Glu Gly Tyr Val Ser

785 790 795

gct aag gag gat tcc ttt ctc tac cca cca cac tcc tgt gag gaa gca 2509
Ala Lys Glu Asp Ser Phe Leu Tyr Pro Pro His Ser Cys Glu Glu Ala

800 805 810

ggg ctg gct gac aaa ccc ctc ttc agg gct gac ttg gct ctg gtg ggc 2557
Gly Leu Ala Asp Lys Pro Leu Phe Arg Ala Asp Leu Ala Leu Val Gly

815 820 825

aca aat gat gct gac tta gta gat gaa tcc aca ttt gag tct cca tac 2605
Thr Asn Asp Ala Asp Leu Val Asp Glu Ser Thr Phe Glu Ser Pro Tyr
830 835 840 845

tct cct gaa aat gac agc atc tac tct act caa gcc tct att tta tct 2653
Ser Pro Glu Asn Asp Ser Ile Tyr Ser Thr Gln Ala Ser Ile Leu Ser

850 855 860

ctt cat ggc agt tct tgt ggt gat ggc ctg aac tat ggt tct tcc ctt 2701
Leu His Gly Ser Ser Cys Gly Asp Gly Leu Asn Tyr Gly Ser Ser Leu
865 870 875

cca tca tct cct cct aag gat gtt att gaa aat tct tgt gat cca gta	2749	
Pro Ser Ser Pro Pro Lys Asp Val Ile Glu Asn Ser Cys Asp Pro Val		
880	885	890
ctt gat ctg cat atg tct ctg gag gaa cta tat acc cag aat ctc ctg	2797	
Leu Asp Leu His Met Ser Leu Glu Glu Leu Tyr Thr Gln Asn Leu Leu		
895	900	905
gaa aga cag gat gag aat aca cct tcg gtg gac ata agt atg ggg cct	2845	
Glu Arg Gln Asp Glu Asn Thr Pro Ser Val Asp Ile Ser Met Gly Pro		
910	915	920
gct tct ggc ttt act ata aat gac tac aca cct gca aat gct att gaa	2893	
Ala Ser Gly Phe Thr Ile Asn Asp Tyr Thr Pro Ala Asn Ala Ile Glu		
930	935	940
caa caa tat gaa tgt gaa aac aca ata gtg tgg act gaa tct cat tta	2941	
Gln Gln Tyr Glu Cys Glu Asn Thr Ile Val Trp Thr Glu Ser His Leu		
945	950	955
cca agt gaa gtt ata tca agt gca gaa ctt cct tct gtg cta ccc gat	2989	
Pro Ser Glu Val Ile Ser Ser Ala Glu Leu Pro Ser Val Leu Pro Asp		
960	965	970
tca gct gga aag ggc tct gag tac ctg ctt gaa cag agc tcc ctg gcc	3037	
Ser Ala Gly Lys Gly Ser Glu Tyr Leu Leu Glu Gln Ser Ser Leu Ala		
975	980	985

135 /160

tgt aat gct gag tgt gtc atg ctt caa aat gta tct aaa gaa tct ttt 3085
Cys Asn Ala Glu Cys Val Met Leu Gln Asn Val Ser Lys Glu Ser Phe
990 995 1000 1005

gaa agg act att aat ata gca aaa ggc aat tct agc cta gga atg aca 3133
Glu Arg Thr Ile Asn Ile Ala Lys Gly Asn Ser Ser Leu Gly Met Thr
1010 1015 1020

gtt agt gct aat aaa gat ggc ttg ggg atg atc gtt cga agc att att 3181
Val Ser Ala Asn Lys Asp Gly Leu Gly Met Ile Val Arg Ser Ile Ile
1025 1030 1035

cat gga ggt gcc att agt cga gat ggc cgg att gcc att ggg gac tgc 3229
His Gly Gly Ala Ile Ser Arg Asp Gly Arg Ile Ala Ile Gly Asp Cys
1040 1045 1050

atc ttg tcc att aat gaa gag tct acc atc agt gta acc aat gcc cag 3277
Ile Leu Ser Ile Asn Glu Glu Ser Thr Ile Ser Val Thr Asn Ala Gln
1055 1060 1065

gca cga gct atg ttg aga aga cat tct ctc att ggc cct gac ata aaa 3325
Ala Arg Ala Met Leu Arg Arg His Ser Leu Ile Gly Pro Asp Ile Lys
1070 1075 1080 1085

att act tat gtg cct gca gaa cat ttg gaa gag ttc aaa ata agc ttg 3373
Ile Thr Tyr Val Pro Ala Glu His Leu Glu Glu Phe Lys Ile Ser Leu
1090 1095 1100

gga caa caa tct gga aga gta atg gca ctg gat att ttt tct tca tac 3421
Gly Gln Gln Ser Gly Arg Val Met Ala Leu Asp Ile Phe Ser Ser Tyr

1105 1110 1115

act ggc aga gac att cca gaa tta cca gag cga gaa gag gga gag ggt 3469
Thr Gly Arg Asp Ile Pro Glu Leu Pro Glu Arg Glu Glu Gly Glu Gly

1120 1125 1130

gaa gaa agc gaa ctt caa aac aca gca tat agc aat tgg aat cag ccc 3517
Glu Glu Ser Glu Leu Gln Asn Thr Ala Tyr Ser Asn Trp Asn Gln Pro

1135 1140 1145

agg cgg gtg gaa ctt tgg aga gaa cca agc aaa tcc tta ggc atc agc 3565
Arg Arg Val Glu Leu Trp Arg Glu Pro Ser Lys Ser Leu Gly Ile Ser
1150 1155 1160 1165

att gtt ggt gga cga ggg atg ggg agt cgg cta agc aat gga gaa gtg 3613
Ile Val Gly Gly Arg Gly Met Gly Ser Arg Leu Ser Asn Gly Glu Val

1170 1175 1180

atg agg ggc att ttc atc aaa cat gtt ctg gaa gat agg cca gct ggc 3661
Met Arg Gly Ile Phe Ile Lys His Val Leu Glu Asp Arg Pro Ala Gly
1185 1190 1195

aaa aat gga acc ttg aag cct gga gat aga atc gta gag gtg gat gga 3709
Lys Asn Gly Thr Leu Lys Pro Gly Asp Arg Ile Val Glu Val Asp Gly

1200 1205 1210

137 /160

atg gac ctc aga gat gca agc cat gaa caa gct gtg gaa gcc att cgg 3757
Met Asp Leu Arg Asp Ala Ser His Glu Gln Ala Val Glu Ala Ile Arg
1215 1220 1225

aaa gca ggc aac cct gta gtc ttt atg gta cag agc att ata aac aga 3805
Lys Ala Gly Asn Pro Val Val Phe Met Val Gln Ser Ile Ile Asn Arg
1230 1235 1240 1245

cca agg aaa tcc cct ttg cct tcc ttg ctg cac aac ctt tac cct aag 3853
Pro Arg Lys Ser Pro Leu Pro Ser Leu Leu His Asn Leu Tyr Pro Lys
1250 1255 1260

tac aac ttc agc agc act aac cca ttt gct gac tct cta caa atc aac 3901
Tyr Asn Phe Ser Ser Thr Asn Pro Phe Ala Asp Ser Leu Gln Ile Asn
1265 1270 1275

gcc gac aag gca ccc agt cag tca gag tca gag cca gag aag gct cca 3949
Ala Asp Lys Ala Pro Ser Gln Ser Glu Ser Glu Pro Glu Lys Ala Pro
1280 1285 1290

ttg tgc agt gtg ccc cca ccc cct cct tca gcc ttt gcc gaa atg ggt 3997
Leu Cys Ser Val Pro Pro Pro Pro Ser Ala Phe Ala Glu Met Gly
1295 1300 1305

agt gat cac aca cag tca tct gca agc aaa atc tca caa gat gtg gac 4045
Ser Asp His Thr Gln Ser Ser Ala Ser Lys Ile Ser Gln Asp Val Asp
1310 1315 1320 1325

138 /160

aaa gag gat gag ttt ggt tac agc tgg aaa aat atc aga gag cgt tat 4093
Lys Glu Asp Glu Phe Gly Tyr Ser Trp Lys Asn Ile Arg Glu Arg Tyr

1330 1335 1340

gga acc cta aca ggc gag ctg cat atg att gaa ctg gag aaa ggt cat 4141
Gly Thr Leu Thr Gly Glu Leu His Met Ile Glu Leu Glu Lys Gly His

1345 1350 1355

agt ggt ttg ggc cta agt ctt gct ggg aac aaa gac cga tcc agg atg 4189
Ser Gly Leu Gly Leu Ser Leu Ala Gly Asn Lys Asp Arg Ser Arg Met

1360 1365 1370

agt gtc ttc ata gtg ggg att gat cca aat gga gct gca gga aaa gat 4237
Ser Val Phe Ile Val Gly Ile Asp Pro Asn Gly Ala Ala Gly Lys Asp

1375 1380 1385

ggt cga ttg caa att gca gat gag ctt cta gag atc aat ggt cag att 4285
Gly Arg Leu Gln Ile Ala Asp Glu Leu Leu Glu Ile Asn Gly Gln Ile
1390 1395 1400 1405

tta tat gga aga agt cat cag aat gcc tca tca atc att aaa tgt gcc 4333
Leu Tyr Gly Arg Ser His Gln Asn Ala Ser Ser Ile Ile Lys Cys Ala

1410 1415 1420

cct tct aaa gtg aaa ata att ttt atc aga aat aaa gat gca gtg aat 4381
Pro Ser Lys Val Lys Ile Ile Phe Ile Arg Asn Lys Asp Ala Val Asn
1425 1430 1435

139 /160

cag atg gcc gta tgt cct gga aat gca gta gaa cct ttg cct tct aac 4429
Gln Met Ala Val Cys Pro Gly Asn Ala Val Glu Pro Leu Pro Ser Asn
1440 1445 1450

tca gaa aat ctt caa aat aag gag aca gag cca act gtt act act tct 4477
Ser Glu Asn Leu Gln Asn Lys Glu Thr Glu Pro Thr Val Thr Thr Ser
1455 1460 1465

gat gca gct gtg gac ctc agt tca ttt aaa aat gtg caa cat ctg gag 4525
Asp Ala Ala Val Asp Leu Ser Ser Phe Lys Asn Val Gln His Leu Glu
1470 1475 1480 1485

ctt ccc aag gat cag ggg ggt ttg ggt att gct atc agc gaa gaa gat 4573
Leu Pro Lys Asp Gln Gly Gly Leu Gly Ile Ala Ile Ser Glu Glu Asp
1490 1495 1500

aca ctc agt gga gtc atc ata aag agc tta aca gag cat ggg gta gca 4621
Thr Leu Ser Gly Val Ile Ile Lys Ser Leu Thr Glu His Gly Val Ala
1505 1510 1515

gcc acg gat gga cga ctc aaa gtc gga gat cag ata ctg gct gta gat 4669
Ala Thr Asp Gly Arg Leu Lys Val Gly Asp Gln Ile Leu Ala Val Asp
1520 1525 1530

gat gaa att gtt gtt ggt tac cct att gaa aag ttt att agc ctt ctg 4717
Asp Glu Ile Val Val Gly Tyr Pro Ile Glu Lys Phe Ile Ser Leu Leu
1535 1540 1545

140 /160

aag aca gca aag atg aca gta aaa ctt acc atc cat gct gag aat cca	4765		
Lys Thr Ala Lys Met Thr Val Lys Leu Thr Ile His Ala Glu Asn Pro			
1550	1555	1560	1565
gat tcc cag gct gtt cct tca gca gct ggt gca gcc agt gga gaa aaa	4813		
Asp Ser Gln Ala Val Pro Ser Ala Ala Gly Ala Ser Gly Glu Lys			
1570	1575	1580	
aag aac agc tcc cag tct ctg atg gtc cca cag tct ggc tcc cca gaa	4861		
Lys Asn Ser Ser Gln Ser Leu Met Val Pro Gln Ser Gly Ser Pro Glu			
1585	1590	1595	
ccg gag tcc atc cga aat aca agc aga tca tca aca cca gca att ttt	4909		
Pro Glu Ser Ile Arg Asn Thr Ser Arg Ser Ser Thr Pro Ala Ile Phe			
1600	1605	1610	
gct tct gat cct gca acc tgc ccc att atc cct ggc tgc gaa aca acc	4957		
Ala Ser Asp Pro Ala Thr Cys Pro Ile Ile Pro Gly Cys Glu Thr Thr			
1615	1620	1625	
atc gag att tcc aaa ggg cga aca ggg ctg ggc ctg agc atc gtt ggg	5005		
Ile Glu Ile Ser Lys Gly Arg Thr Gly Leu Gly Leu Ser Ile Val Gly			
1630	1635	1640	1645
ggt tca gac acg ctg ctg ggt gcc ttt att atc cat gaa gtt tat gaa	5053		
Gly Ser Asp Thr Leu Leu Gly Ala Phe Ile Ile His Glu Val Tyr Glu			
1650	1655	1660	

141 /160

gaa gga gca gca tgt aaa gat gga aga ctc tgg gct gga gat cag atc	5101		
Glu Gly Ala Ala Cys Lys Asp Gly Arg Leu Trp Ala Gly Asp Gln Ile			
1665	1670	1675	
tta gag gtg aat gga att gac ttg agg aag gcc aca cat gat gaa gca	5149		
Leu Glu Val Asn Gly Ile Asp Leu Arg Lys Ala Thr His Asp Glu Ala			
1680	1685	1690	
atc aat gtc ctg aga cag acg cca cag aga gtg cgc ctg aca ctc tac	5197		
Ile Asn Val Leu Arg Gln Thr Pro Gln Arg Val Arg Leu Thr Leu Tyr			
1695	1700	1705	
aga gat gag gcc cca tac aaa gag gag gaa gtg tgt gac acc ctc act	5245		
Arg Asp Glu Ala Pro Tyr Lys Glu Glu Val Cys Asp Thr Leu Thr			
1710	1715	1720	1725
att gag ctg cag aag aag ccg gga aaa ggc cta gga tta agt att gtt	5293		
Ile Glu Leu Gln Lys Lys Pro Gly Lys Gly Leu Gly Leu Ser Ile Val			
1730	1735	1740	
ggt aaa aga aac gat act gga gta ttt gtg tca gac att gtc aaa gga	5341		
Gly Lys Arg Asn Asp Thr Gly Val Phe Val Ser Asp Ile Val Lys Gly			
1745	1750	1755	
gga att gca gat ccc gat gga aga ctg atc cag gga gac cag ata tta	5389		
Gly Ile Ala Asp Pro Asp Gly Arg Leu Ile Gln Gly Asp Gln Ile Leu			
1760	1765	1770	

ttg gtg aat ggg gaa gac gtt cgt aat gcc tcc caa gaa gcg gtt gcc 5437
Leu Val Asn Gly Glu Asp Val Arg Asn Ala Ser Gln Glu Ala Val Ala
1775 1780 1785

gct ttg cta aag tgt tcc cta ggc aca gta acc ttg gaa gtt gga aga 5485
Ala Leu Leu Lys Cys Ser Leu Gly Thr Val Thr Leu Glu Val Gly Arg
1790 1795 1800 1805

atc aaa gct ggt cca ttc cat tca gag agg agg cca tct caa acc agc 5533
Ile Lys Ala Gly Pro Phe His Ser Glu Arg Arg Pro Ser Gln Thr Ser
1810 1815 1820

cag gtg agt gaa ggc agc ctg tct ttc act ttt cca ctc tct gga 5581
Gln Val Ser Glu Gly Ser Leu Ser Ser Phe Thr Phe Pro Leu Ser Gly
1825 1830 1835

tcc agt aca tct gag tca ctg gaa agt agc tca aag aag aat gca ttg 5629
Ser Ser Thr Ser Glu Ser Leu Glu Ser Ser Ser Lys Lys Asn Ala Leu
1840 1845 1850

gca tct gaa ata cag gga tta aga aca gtc gaa atg aaa aag ggc cct 5677
Ala Ser Glu Ile Gln Gly Leu Arg Thr Val Glu Met Lys Lys Gly Pro
1855 1860 1865

act gac tca ctg gga atc agc atc gct gga gga gta ggc agc cca ctt 5725
Thr Asp Ser Leu Gly Ile Ser Ile Ala Gly Gly Val Gly Ser Pro Leu
1870 1875 1880 1885

ggt gat gtg cct ata ttt att gca atg atg cac cca act gga gtt gca 5773
 Gly Asp Val Pro Ile Phe Ile Ala Met Met His Pro Thr Gly Val Ala

1890 1895 1900

gca cag acc caa aaa ctc aga gtt ggg gat agg att gtc acc atc tgt 5821
 Ala Gln Thr Gln Lys Leu Arg Val Gly Asp Arg Ile Val Thr Ile Cys

1905 1910 1915

ggc aca tcc act gag ggc atg act cac acc caa gca gtt aac cta ctg 5869
 Gly Thr Ser Thr Glu Gly Met Thr His Thr Gln Ala Val Asn Leu Leu

1920 1925 1930

aaa aat gca tct ggc tcc att gaa atg cag gtg gtt gct gga gga gac 5917
 Lys Asn Ala Ser Gly Ser Ile Glu Met Gln Val Val Ala Gly Gly Asp

1935 1940 1945

gtg agt gtg gtc aca ggt cat cat cag gag cct gca agt tcc agt ctt 5965
 Val Ser Val Val Thr Gly His His Gln Glu Pro Ala Ser Ser Ser Leu
 1950 1955 1960 1965

tct ttc act ggg ctg acg tca acc agt ata ttt cag gat gat tta gga 6013
 Ser Phe Thr Gly Leu Thr Ser Thr Ser Ile Phe Gln Asp Asp Leu Gly

1970 1975 1980

cct cct caa tgt aag tct att aca cta gag cga gga cca gat ggc tta 6061
 Pro Pro Gln Cys Lys Ser Ile Thr Leu Glu Arg Gly Pro Asp Gly Leu
 1985 1990 1995

144 /160

ggc ttc agt ata gtt gga gga tat ggc agc cct cat gga gac tta ccc 6109
Gly Phe Ser Ile Val Gly Gly Tyr Gly Ser Pro His Gly Asp Leu Pro

2000 2005 2010

att tat gtt aaa aca gtg ttt gca aag gga gca gcc tct gaa gac gga 6157
Ile Tyr Val Lys Thr Val Phe Ala Lys Gly Ala Ala Ser Glu Asp Gly

2015 2020 2025

cgt ctg aaa agg ggc gat cag atc att gct gtc aat ggg cag agt cta 6205
Arg Leu Lys Arg Gly Asp Gln Ile Ile Ala Val Asn Gly Gln Ser Leu
2030 2035 2040 2045

gaa gga gtc acc cat gaa gaa gct gtt gcc atc ctt aaa cgg aca aaa 6253
Glu Gly Val Thr His Glu Glu Ala Val Ala Ile Leu Lys Arg Thr Lys

2050 2055 2060

ggc act gtc act ttg atg gtt ctc tct tgaattggct gccagaattg 6300
Gly Thr Val Thr Leu Met Val Leu Ser

2065 2070

aaccaaccca acccctagct cacctctac tgtaaagaga atgcactggt cctgacaatt 6360

tttatgctgt gttcagccgg gtcttcaaaa ctgttaggggg gaaataacac ttaaggttct 6420

ttttctcatc tagaaatgct ttccttactg acaacctaac atcattttc ttttcttctt 6480

gcattttgtg aacttaaaga gaaggaatat ttgtgttaggt gaatctcggt tttatttgtg 6540

145 /160

gagatatcta atgtttgtt gtcacatggg caagaattat tacatgctaa gctggtagt 6600

ataaaagaaaatg ataattctaa agctaaccas agaaaatggc ttcagtaagt taggatgaaa 6660

aatgaaaata taaaataaag aagaaaatct cggggagttt aaaaaaaaaatg cctcaatttg 6720

gcaatctacc tcctctcccc accccaaact 6750

<210> 87

<211> 6666

<212> DNA

<213> Homo sapience

<220>

<221> CDS

<222> (71)...(3787)

<400> 87

ttctcagtca cgcatgttcca tttaattgc tgtaatcat ttcagagaag aacactgaac 60

tttgaaaaaa atg ttg gaa gcc att gac aaa aat cgg gcc ctg cat gca 109

Met Leu Glu Ala Ile Asp Lys Asn Arg Ala Leu His Ala

1

5

10

gca gag cgc ttg caa acc aag ctg cga gaa cgt ggg gat gta gca aat 157

Ala Glu Arg Leu Gln Thr Lys Leu Arg Glu Arg Gly Asp Val Ala Asn

15

20

25

146 /160

gaa gac aaa ctg agc ctt ctg aag tca gtc ctg cag agc cct ctc ttc	205		
Glu Asp Lys Leu Ser Leu Leu Lys Ser Val Leu Gln Ser Pro Leu Phe			
30	35	40	45
agt cag att ctg agc ctt cag act tct gta cag cag ctg aaa gac cag	253		
Ser Gln Ile Leu Ser Leu Gln Thr Ser Val Gln Gln Leu Lys Asp Gln			
50	55	60	
gta aat att gca act tca gca act tca aat att gaa tat gcc cac gtt	301		
Val Asn Ile Ala Thr Ser Ala Thr Ser Asn Ile Glu Tyr Ala His Val			
65	70	75	
cct cat ctc agc cca gct gtg att cct act ctg caa aat gaa tcg ttt	349		
Pro His Leu Ser Pro Ala Val Ile Pro Thr Leu Gln Asn Glu Ser Phe			
80	85	90	
tta tta tcc cca aac aat ggg aat ctg gaa gca ctt aca gga cct ggt	397		
Leu Leu Ser Pro Asn Asn Gly Asn Leu Glu Ala Leu Thr Gly Pro Gly			
95	100	105	
att cca cac att aat ggg aaa cct gct tgt gat gaa ttt gat cag ctt	445		
Ile Pro His Ile Asn Gly Lys Pro Ala Cys Asp Glu Phe Asp Gln Leu			
110	115	120	125
atc aaa aat atg gcc cag ggt cgc cat gta gaa gtt ttt gag ctc ctc	493		
Ile Lys Asn Met Ala Gln Gly Arg His Val Glu Val Phe Glu Leu Leu			
130	135	140	

147 /160

aaa cct cca tct gga ggc ctt ggg ttt agt gtt gtg gga cta aga agt 541
Lys Pro Pro Ser Gly Gly Leu Gly Phe Ser Val Val Gly Leu Arg Ser
145 150 155

gaa aac aga gga gag ctg gga ata ttt gtt caa gag ata caa gag ggc 589
Glu Asn Arg Gly Glu Leu Gly Ile Phe Val Gln Glu Ile Gln Glu Gly
160 165 170

agt gtg gcc cat aga gat gga aga ttg aaa gaa act gat caa att ctt 637
Ser Val Ala His Arg Asp Gly Arg Leu Lys Glu Thr Asp Gln Ile Leu
175 180 185

gct atc aat gga cag gct ctt gat cag aca att aca cat cag cag gct 685
Ala Ile Asn Gly Gln Ala Leu Asp Gln Thr Ile Thr His Gln Gln Ala
190 195 200 205

atc agc atc ctg cag aaa gcc aaa gat act gtc cag cta gtt att gcc 733
Ile Ser Ile Leu Gln Lys Ala Lys Asp Thr Val Gln Leu Val Ile Ala
210 215 220

aga ggc tca ttg cct cag ctt gtc agc ccc ata gtt tcc cgt tct cca 781
Arg Gly Ser Leu Pro Gln Leu Val Ser Pro Ile Val Ser Arg Ser Pro
225 230 235

tct gca gcc agc aca att tca gct cac tct aat ccg gtt cac tgg caa 829
Ser Ala Ala Ser Thr Ile Ser Ala His Ser Asn Pro Val His Trp Gln
240 245 250

cac atg gaa acg att gaa ttg gtg aat gat gga tct ggt ttg gga ttt 877
His Met Glu Thr Ile Glu Leu Val Asn Asp Gly Ser Gly Leu Gly Phe
255 260 265

ggc atc ata gga gga aaa gca act ggt gtg ata gta aaa acc att ctg 925
Gly Ile Ile Gly Gly Lys Ala Thr Gly Val Ile Val Lys Thr Ile Leu
270 275 280 285

cct gga gga gta gct gat cag cat ggg cgt tta tgc agt gga gac cac 973
Pro Gly Gly Val Ala Asp Gln His Gly Arg Leu Cys Ser Gly Asp His
290 295 300

att cta aag att ggt gac aca gat cta gca gga atg agc agt gag caa 1021
Ile Leu Lys Ile Gly Asp Thr Asp Leu Ala Gly Met Ser Ser Glu Gln
305 310 315

gta gca caa gtc ctt agg caa tgt gga aat aga gtt aag ttg atg att 1069
Val Ala Gln Val Leu Arg Gln Cys Gly Asn Arg Val Lys Leu Met Ile
320 325 330

gca aga agt gcc ata gaa gaa cgt aca gca ccc act gct ttg ggc atc 1117
Ala Arg Ser Ala Ile Glu Glu Arg Thr Ala Pro Thr Ala Leu Gly Ile
335 340 345

acc ctc tcc tca tcc cca act tca acg cca gag ttg cgg gtt gat gct 1165
Thr Leu Ser Ser Ser Pro Thr Ser Thr Pro Glu Leu Arg Val Asp Ala
350 355 360 365

149 /160

tct act cag aaa ggt gaa gaa agt gag aca ttt gat gta gaa ctc act 1213
Ser Thr Gln Lys Gly Glu Glu Ser Glu Thr Phe Asp Val Glu Leu Thr

aaa aat gtc caa gga tta gga att acc att gct ggc tac att gga gat 1261
Lys Asn Val Gln Gly Leu Gly Ile Thr Ile Ala Gly Tyr Ile Gly Asp

385 390 395

aaa aaa ttg gaa cct tca gga atc ttt gta aag agc att aca aaa agc 1309
Lys Lys Leu Glu Pro Ser Gly Ile Phe Val Lys Ser Ile Thr Lys Ser

400 405 410

agt gcc gtt gag cat gat gga aga atc caa att gga gac caa att ata 1357
Ser Ala Val Glu His Asp Gly Arg Ile Gln Ile Gly Asp Gln Ile Ile

415 420 425

gca gta gat ggc aca aac ctt cag ggt ttt act aat cag caa gca gta 1405
 Ala Val Asp Gly Thr Asn Leu Gln Gly Phe Thr Asn Gln Gln Ala Val
 430 435 440 445

gag gta ttg cga cat aca gga caa act gtg ctc ctg aca cta atg agg 1453
Glu Val Leu Arg His Thr Gly Gln Thr Val Leu Leu Thr Leu Met Arg

450 455 460

aga gga atg aag cag gaa gcc gag ctc atg tca agg gaa gac gtc aca 1501
Arg Gly Met Lys Gln Glu Ala Glu Leu Met Ser Arg Glu Asp Val Thr

465 470 475

150 /160

aaa gat gca gat ttg tct cct gtt aat gcc agc ata atc aaa gaa aat 1549
Lys Asp Ala Asp Leu Ser Pro Val Asn Ala Ser Ile Ile Lys Glu Asn

480 485 490

tat gaa aaa gat gaa gat ttt tta tct tcg acg aga aac acc aac ata 1597
Tyr Glu Lys Asp Glu Asp Phe Leu Ser Ser Thr Arg Asn Thr Asn Ile
495 500 505

tta cca act gaa gaa gaa ggg tat cca tta ctg tca gct gag ata gaa 1645
Leu Pro Thr Glu Glu Gly Tyr Pro Leu Leu Ser Ala Glu Ile Glu
510 515 520 525

gaa ata gaa gat gca caa aaa caa gaa gct gct ctg ctg aca aaa tgg 1693
Glu Ile Glu Asp Ala Gln Lys Gln Glu Ala Ala Leu Leu Thr Lys Trp
530 535 540

caa agg att atg gga att aac tat gaa ata gtg gtg gcc cat gtg agc 1741
Gln Arg Ile Met Gly Ile Asn Tyr Glu Ile Val Val Ala His Val Ser
545 550 555

aag ttt agt gag aac agt gga ttg ggg ata agc ctg gaa gcg aca gtg 1789
Lys Phe Ser Glu Asn Ser Gly Leu Gly Ile Ser Leu Glu Ala Thr Val
560 565 570

gga cat cat ttt atc cga tct gtt cta cca gag ggt cct gtt gga cac 1837
Gly His His Phe Ile Arg Ser Val Leu Pro Glu Gly Pro Val Gly His
575 580 585

agc ggg aag ctc ttc agt gga gac gag cta ttg gaa gta aat ggc ata 1885
Ser Gly Lys Leu Phe Ser Gly Asp Glu Leu Leu Glu Val Asn Gly Ile
590 595 600 605

act tta ctt ggg gaa aat cac caa gat gtg gtg aat atc tta aaa gaa 1933
Thr Leu Leu Gly Glu Asn His Gln Asp Val Val Asn Ile Leu Lys Glu
610 615 620

ctg cct ata gaa gtg aca atg gtg tgc tgt cgt cga act gtg cca ccc 1981
Leu Pro Ile Glu Val Thr Met Val Cys Cys Arg Arg Thr Val Pro Pro
625 630 635

acc acc caa tca gaa ttg gat agc ctg gac tta tgt gat att gag cta 2029
Thr Thr Gln Ser Glu Leu Asp Ser Leu Asp Leu Cys Asp Ile Glu Leu
640 645 650

aca gaa aag cct cac gta gat cta ggt gag ttc atc ggg tca tca gag 2077
Thr Glu Lys Pro His Val Asp Leu Gly Glu Phe Ile Gly Ser Ser Glu
655 660 665

cca gag gat cca gtg ctg gcg atg act gat gcg ggt cag agt aca gaa 2125
Pro Glu Asp Pro Val Leu Ala Met Thr Asp Ala Gly Gln Ser Thr Glu
670 675 680 685

gag gtt caa gca cct ttg gcc atg tgg gag gct ggc att cag cac ata 2173
Glu Val Gln Ala Pro Leu Ala Met Trp Glu Ala Gly Ile Gln His Ile
690 695 700

152 /160

atg ctg gag aaa ggg agc aaa gga ctt ggt ttt agc att tta gat tat 2221

Met Leu Glu Lys Gly Ser Lys Gly Leu Gly Phe Ser Ile Leu Asp Tyr

705

710

715

cag gat cca att gat cca gca agc act gtg att ata att cgt tct ttg 2269

Gln Asp Pro Ile Asp Pro Ala Ser Thr Val Ile Ile Arg Ser Leu

720

725

730

gtg cct ggc ggc att gct gaa aag gat gga cga ctt ctt cct ggt gac 2317

Val Pro Gly Gly Ile Ala Glu Lys Asp Gly Arg Leu Leu Pro Gly Asp

735

740

745

cga ctc atg ttt gta aac gat gtt aac ttg gaa aac agc agt ctt gag 2365

Arg Leu Met Phe Val Asn Asp Val Asn Leu Glu Asn Ser Ser Leu Glu

750

755

760

765

gaa gct gta gaa gca ctg aag gga gca ccg tca ggg act gtg aga ata 2413

Glu Ala Val Glu Ala Leu Lys Gly Ala Pro Ser Gly Thr Val Arg Ile

770

775

780

gga gtt gct aag cct tta ccc ctt tca cca gaa gaa ggt tat gtt tct 2461

Gly Val Ala Lys Pro Leu Pro Leu Ser Pro Glu Glu Gly Tyr Val Ser

785

790

795

gct aag gag gat tcc ttt ctc tac cca cca cac tcc tgt gag gaa gca 2509

Ala Lys Glu Asp Ser Phe Leu Tyr Pro Pro His Ser Cys Glu Glu Ala

800

805

810

153 /160

ggg ctg gct gac aaa ccc ctc ttc agg gct gac ttg gct ctg gtg ggc	2557		
Gly Leu Ala Asp Lys Pro Leu Phe Arg Ala Asp Leu Ala Val Gly			
815	820	825	
aca aat gat gct gac tta gta gat gaa tcc aca ttt gag tct cca tac	2605		
Thr Asn Asp Ala Asp Leu Val Asp Glu Ser Thr Phe Glu Ser Pro Tyr			
830	835	840	845
tct cct gaa aat gac agc atc tac tct act caa gcc tct att tta tct	2653		
Ser Pro Glu Asn Asp Ser Ile Tyr Ser Thr Gln Ala Ser Ile Leu Ser			
850	855	860	
ctt cat ggc agt tct tgt ggt gat ggc ctg aac tat ggt tct tcc ctt	2701		
Leu His Gly Ser Ser Cys Gly Asp Gly Leu Asn Tyr Gly Ser Ser Leu			
865	870	875	
cca tca tct cct cct aag gat gtt att gaa aat tct tgt gat cca gta	2749		
Pro Ser Ser Pro Pro Lys Asp Val Ile Glu Asn Ser Cys Asp Pro Val			
880	885	890	
ctt gat ctg cat atg tct ctg gag gaa cta tat acc cag aat ctc ctg	2797		
Leu Asp Leu His Met Ser Leu Glu Glu Leu Tyr Thr Gln Asn Leu Leu			
895	900	905	
gaa aga cag gat gag aat aca cct tcg gtg gac ata agt atg ggg cct	2845		
Glu Arg Gln Asp Glu Asn Thr Pro Ser Val Asp Ile Ser Met Gly Pro			
910	915	920	925

154 /160

gct tct ggc ttt act ata aat gac tac aca cct gca aat gct att gaa 2893
Ala Ser Gly Phe Thr Ile Asn Asp Tyr Thr Pro Ala Asn Ala Ile Glu

930 935 940

caa caa tat gaa tgt gaa aac aca ata gtg tgg act gaa tct cat tta 2941
Gln Gln Tyr Glu Cys Glu Asn Thr Ile Val Trp Thr Glu Ser His Leu
945 950 955

cca agt gaa gtt ata tca agt gca gaa ctt cct tct gtg cta ccc gat 2989
Pro Ser Glu Val Ile Ser Ser Ala Glu Leu Pro Ser Val Leu Pro Asp
960 965 970

tca gct gga aag ggc tct gag cac ctg ctt gaa cag agc tcc ctg gcc 3037
Ser Ala Gly Lys Gly Ser Glu His Leu Leu Glu Gln Ser Ser Leu Ala
975 980 985

tgt aat gct gag tgt gtc atg ctt caa aat gta tct aaa gaa tct ttt 3085
Cys Asn Ala Glu Cys Val Met Leu Gln Asn Val Ser Lys Glu Ser Phe
990 995 1000 1005

gaa agg act att aat ata gca aaa ggc aat tct agc cta gga atg aca 3133
Glu Arg Thr Ile Asn Ile Ala Lys Gly Asn Ser Ser Leu Gly Met Thr
1010 1015 1020

gtt agt gct aat aaa gat ggc ttg ggg atg atc gtt cga agc att att 3181
Val Ser Ala Asn Lys Asp Gly Leu Gly Met Ile Val Arg Ser Ile Ile
1025 1030 1035

155 /160

cat gga ggt gcc att agt cga gat ggc cg att gcc att ggg gac tgc 3229
His Gly Gly Ala Ile Ser Arg Asp Gly Arg Ile Ala Ile Gly Asp Cys

1040 1045 1050

atc ttg tcc att aat gaa gag tct acc atc agt gta acc aat gcc cag 3277
Ile Leu Ser Ile Asn Glu Glu Ser Thr Ile Ser Val Thr Asn Ala Gln
1055 1060 1065

gca cga gct atg ttg aga aga cat tct ctc att ggc cct gac ata aaa 3325
Ala Arg Ala Met Leu Arg Arg His Ser Leu Ile Gly Pro Asp Ile Lys
1070 1075 1080 1085

att act tat gtg cct gca gaa cat ttg gaa gag ttc aaa ata agc ttg 3373
Ile Thr Tyr Val Pro Ala Glu His Leu Glu Glu Phe Lys Ile Ser Leu
1090 1095 1100

gga caa caa tct gga aga gta atg gca ctg gat att ttt tct tca tac 3421
Gly Gln Gln Ser Gly Arg Val Met Ala Leu Asp Ile Phe Ser Ser Tyr
1105 1110 1115

act ggc aga gac att cca gaa tta cca gag cga gaa gag gga gag ggt 3469
Thr Gly Arg Asp Ile Pro Glu Leu Pro Glu Arg Glu Glu Gly Glu Gly
1120 1125 1130

gaa gaa agc gaa ctt caa aac aca gca tat agc aat tgg aat cag ccc 3517
Glu Glu Ser Glu Leu Gln Asn Thr Ala Tyr Ser Asn Trp Asn Gln Pro
1135 1140 1145

156 /160

agg cgg gtg gaa ctc tgg aga gaa cca agc aaa tcc tta ggc atc agc 3565

Arg Arg Val Glu Leu Trp Arg Glu Pro Ser Lys Ser Leu Gly Ile Ser

1150 1155 1160 1165

att gtt ggt gga cga ggg atg ggg agt cgg cta agc aat gga gaa gtg 3613

Ile Val Gly Gly Arg Gly Met Gly Ser Arg Leu Ser Asn Gly Glu Val

1170 1175 1180

atg agg ggc att ttc atc aaa cat gtt ctg gaa gat agt cca gct ggc 3661

Met Arg Gly Ile Phe Ile Lys His Val Leu Glu Asp Ser Pro Ala Gly

1185 1190 1195

aaa aat gga acc ttg aaa cct gga gat aga atc gta gag gtg gat gga 3709

Lys Asn Gly Thr Leu Lys Pro Gly Asp Arg Ile Val Glu Val Asp Gly

1200 1205 1210

atg gac ctc aga gat gca agc cat gaa caa gct gtg gaa gcc att cgg 3757

Met Asp Leu Arg Asp Ala Ser His Glu Gln Ala Val Glu Ala Ile Arg

1215 1220 1225

aaa gca ggc aac cct gta gtc ttt atg gta tagagcttta ttacagacca 3807

Lys Ala Gly Asn Pro Val Val Phe Met Val

1230 1235

agggcaccca gtcagtcat cagagtca gtcagagtca gagccagaga aggtccatt 3867

gtgcagtgtg cccccacccc ctccttcagc cttgcccaa atggtagtg atcacacaca 3927

gtcatctgca agcaaaatct cacaagatgt ggacaaagag gatgagttt gttacagctg	3987
aaaaaatatc agagagcgitt atggaaccct aacaggcgag ctgcataatga ttgaactgga	4047
gaaaggtcat agtggtttgg gcctaagtct tgctggAAC aaagaccgat ccaggatgag	4107
tgtcttcata gtggggattt atccaaatgg agctgcagga aaagatggc gattgcaaAT	4167
tgcagatgag cttctagaga tcaatggca gattttatAT ggaagaagtC atcagaatgc	4227
ctcatcaatc attaaatgtg ccccttctaa agtggaaATA attttatca gaaataaaAGA	4287
tgcaGtgaat cagatggccg tatgtcctgg aaatgcagta gaacctttgc cttctaACTC	4347
agaaaatctt caaaataagg agacagagCC aactgttact acttctgatG cagctgtgg	4407
cctcagttca tttaaaaatg tgcaacatct ggagcttccc aaggatcagg ggggtttggg	4467
tattgtatC agcgaagaAG atacactcAG tggagtcatC ataaagagCT taacagagCA	4527
tggggtagca gccacggatG gacgactCAA agtggagat cagatactgg ctgttagatGA	4587
tgaaattgtt gtgggttacc ctattgaaaa gtttattagC cttctgaAGA cagcaaAGAT	4647
gacagtaaaa cttaCCatCC atgctgagaa tccagattCC caggctgttC cttcagcAGC	4707
tggTgcAGCC agtggagaaa aaaagaacAG ctcccAGtCT ctgatggtCC cacagtctgg	4767

ctccccagaa ccggagtcca tccgaaatac aagcagatca tcaacaccag caattttgc	4827
ttctgatcct gcaacctgcc ccattatccc tggctgcgaa acaaccatcg agatttccaa	4887
agggcgaaca gggctgggcc tgagcatcgt tggggttca gacacgctgc tgggtgcctt	4947
tattatccat gaagtttatg aagaaggagc agcatgtaaa gatggaagac tctggctgg	5007
agatcagatc tttagaggtga atgaaattga cttgaggaag gccacacatg atgaagcaat	5067
caatgtcctg agacagacgc cacagagagt gcgcctgaca ctctacagag atgaggcccc	5127
atacaaagag gaggaagtgt gtgacaccct cactatttag ctgcagaaga agccggaaaa	5187
aggcctagga ttaagtattt ttggtaaaag aaacgatact ggagtattt tgtagacat	5247
tgtcaaagga ggaattgcag atcccgatgg aagactgatc cagggagacc agatattatt	5307
ggtaatggg gaagacgttc gtaatgcctc ccaagaagcg gttggcgctt tgctaaagt	5367
ttcccttaggc acagtaacct tggaaatttgg aagaatcaaa gctggtccat tccattcaga	5427
gaggaggcca tctcaaaccac gccaggttag tgaaggcagc ctgtttttt tcactttcc	5487
actctctgga tccagtgatcat ctgagtcact ggaaagttagc tcaaagaaga atgcattggc	5547
atctgaaata cagggattaa gaacagtgcg aataaaaaag ggccctactg actcactggg	5607

aatcagcatc gctggaggag taggcagccc acttggtgat gtgcctatat ttattgcaat	5667
gatgcaccca actggagttg cagcacagac ccaaaaactc agagttgggg ataggattgt	5727
caccatctgt ggcacatcca ctgagggcat gactcacacc caagcagtta acctactgaa	5787
aatgcatct ggctccattt aaatgcaggt ggttgctgga ggagacgtga gtgtggtcac	5847
aggcatcat caggagcctg caagttccag tcttcttc actggctga cgtcaaccag	5907
tatatttcag gatgatttag gacctcctca atgtaagtct attacactag agcgaggacc	5967
agatggctta ggcttcagta tagttggagg atatggcagc cctcatggag acttacccat	6027
ttatgttaaa acagtgtttg caaaggagc agcctctgaa gacggacgtc tgaaaagggg	6087
cgatcagatc attgctgtca atggcagag tctagaagga gtcacccatg aagaagctgt	6147
tgccatccctt aaacggacaa aaggcactgt cacttggatg gttctctttt gaattggctg	6207
ccagaattga accaacccaa cccctagctc acctcctact gtaaagagaa tgcactggtc	6267
ctgacaattt ttatgctgtt ttcagccggg tcttcaaaac tgttaggggg aaataacact	6327
taagtttctt tttctcatct agaaatgctt tccttactga caacctaaca tcattttct	6387
tttcttcttg cattttgtga acttaaagag aaggaatatt tgttaggtg aatctcgttt	6447

160 /160

ttatttgtgg agatatctaa tgttttgtag tcacatggc aagaattatt acatgctaag 6507

ctggtagta taaaagaaga taattctaaa gctaaccaaa gaaaatggct tcagtaagtt 6567

aggatgaaaa atgaaaatat aaaataaaga agaaaatctc ggggagttt aaaaaaatgc 6627

ctcaatttgg caatctacct cctctccca ccccaaact 6666

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International application No.

PCT/JP98/03603

A. CLASSIFICATION OF SUBJECT MATTER

Int.Cl⁶ C12N15/12, C12N15/63, C12N1/21, C12N21/02, C12Q1/02, C07K16/18

According to International Patent Classification (IPC) or to both national classification and IPC

B. FIELDS SEARCHED

Minimum documentation searched (classification system followed by classification symbols)

Int.Cl⁶ C12N15/12, C12N15/63, C12N1/21, C12N21/02, C12Q1/02, C07K16/18

Documentation searched other than minimum documentation to the extent that such documents are included in the fields searched

Electronic data base consulted during the international search (name of data base and, where practicable, search terms used)

BIOSIS (DIALOG), WPI (DIALOG), Genbank/EMBL/DDBJ/Geneseq

C. DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category*	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
PX PA	Christoph, U. et al., "Cloning and characterization of MUPP1, a novel PDZ domain protein" FEBS Letters (1998, Mar.), Vol. 424 p.63-68	2-15 1
X A	Mikhail, Y. et al., "Human Dishevelled Genes Constitute a DHR-Containing Multigene Family" GENOMICS (1997, Jun.), Vol. 42 p.302-310	2-15 1
A	Joao H.M., C. et al., "Crystal structure of a PDZ domain" Nature (1996, Aug.), Vol. 382 p.649-652	1-15

 Further documents are listed in the continuation of Box C. See patent family annex.

* Special categories of cited documents:	
"A" document defining the general state of the art which is not considered to be of particular relevance	"T" later document published after the international filing date or priority date and not in conflict with the application but cited to understand the principle or theory underlying the invention
"E" earlier document but published on or after the international filing date	"X" document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered novel or cannot be considered to involve an inventive step when the document is taken alone
"L" document which may throw doubts on priority claim(s) or which is cited to establish the publication date of another citation or other special reason (as specified)	"Y" document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered to involve an inventive step when the document is combined with one or more other such documents, such combination being obvious to a person skilled in the art
"O" document referring to an oral disclosure, use, exhibition or other means	"&" document member of the same patent family
"P" document published prior to the international filing date but later than the priority date claimed	

Date of the actual completion of the international search
15 October, 1998 (15. 10. 98)Date of mailing of the international search report
27 October, 1998 (27. 10. 98)Name and mailing address of the ISA/
Japanese Patent Office

Authorized officer

Facsimile No.

Telephone No.

A. 発明の属する分野の分類（国際特許分類（IPC））

Int. C1° C12N15/12, C12N15/63, C12N1/21, C12N21/02, C12Q1/02, C07K16/18

B. 調査を行った分野

調査を行った最小限資料（国際特許分類（IPC））

Int. C1° C12N15/12, C12N15/63, C12N1/21, C12N21/02, C12Q1/02, C07K16/18

最小限資料以外の資料で調査を行った分野に含まれるもの

国際調査で使用した電子データベース（データベースの名称、調査に使用した用語）

BIOSIS (DIALOG), WPI (DIALOG), Genbank/EMBL/DDBJ/GenSeq

C. 関連すると認められる文献

引用文献の カテゴリー*	引用文献名 及び一部の箇所が関連するときは、その関連する箇所の表示	関連する 請求の範囲の番号
PX PA	Christoph, U. et al. "Cloning and characterization of MUPP1, a novel PDZ domain protein" FEBS Letters (1998, Mar.) 第424巻 p. 63-68	2-15 1
X A	Mikhail, Y. et al. "Human Dishevelled Genes Constitute a DHR-Containing Multigene Family" GENOMICS (1997, Jun.) 第42巻 p. 302-310	2-15 1
A	Joao H.M., C. et al. "Crystal structure of a PDZ domain" Nature (1996, Aug.) 第382巻 p. 649-652	1-15

C欄の続きにも文献が列挙されている。

パテントファミリーに関する別紙を参照。

* 引用文献のカテゴリー

- 「A」特に関連のある文献ではなく、一般的技術水準を示すもの
- 「E」先行文献ではあるが、国際出願日以後に公表されたもの
- 「L」優先権主張に疑義を提起する文献又は他の文献の発行日若しくは他の特別な理由を確立するために引用する文献（理由を付す）
- 「O」口頭による開示、使用、展示等に言及する文献
- 「P」国際出願日前で、かつ優先権の主張の基礎となる出願

の日の後に公表された文献

- 「T」国際出願日又は優先日後に公表された文献であって出願と矛盾するものではなく、発明の原理又は理論の理解のために引用するもの
- 「X」特に関連のある文献であって、当該文献のみで発明の新規性又は進歩性がないと考えられるもの
- 「Y」特に関連のある文献であって、当該文献と他の1以上の文献との、当業者にとって自明である組合せによって進歩性がないと考えられるもの
- 「&」同一パテントファミリー文献

国際調査を完了した日 15. 10. 98	国際調査報告の発送日 27.10.98
国際調査機関の名称及びあて先 日本国特許庁 (ISA/JP) 郵便番号 100-8915 東京都千代田区霞が関三丁目4番3号	特許庁審査官（権限のある職員） 富士 良宏 用 電話番号 03-3581-1101 内線 3449